

AMENDMENTS TO THE DRAWINGS

The attached 74 sheets of drawings includes changes to Figs 1 and 2. These sheets replace the amended sheets of drawings filed May 29, 2003. The attached amended sheets are submitted to correct inconsistencies with the prior applications.

Attachment: 74 Replacement Sheets
74 Annotated Sheet Showing Changes

BEST AVAILABLE COPY

REMARKS

Reconsideration is requested.

Claims 75, 79 and 81-91 are pending. Unamended claim 75 and 79 and claim 81 have been allowed. Claims 75 and 79 have been amended above, without prejudice, as the Examiner is understood to have requested the amendment during the interview, for clarity. Entry of the amendment is not believed to be required and is being made to advance prosecution.

The Examiner interview of December 1, 2005 is acknowledged, with appreciation. The Interview Summary is accurate in its brief description of the issues discussed.

The Examiner is understood to have maintained the Section 112, first paragraph and second paragraph, rejections of claims 82-86 in response to the Amendment of July 11, 2005. As explained to the Examiner during the interview, the claims require, for example, that the amino acid sequence encoded by the at least 12 contiguous nucleotides contain at least one of the recited amino acid residues of an HCV polyprotein. As such, the claims are specific and defined and supported by an adequate written description. Withdrawal of the Section 112 rejections is requested:

The exemplification of genotype/subtype specific amino acids/nucleotides from the specification discussed with the Examiner during the interview is provided in the following discussion and Annexes. The Examiner is requested to contact the undersigned by telephone in the event anything further is required in this regard.

The specification discloses genotype-specific amino acids in HCV amino acid sequences of the invention, see for example, the paragraphs from page 27 line 26 to

page 28 line 11. The specification moreover discloses amino acid sequence regions (more specifically variable regions in the Core and E1 proteins) that are specific to an HCV genotype or subtype, see pages 29-32. The ordinarily skilled person will understand from the disclosure that genotype-specific nucleotides can be determined in the same way as genotype-specific amino acids, as explained in the specification.

As requested by the Examiner during the interview, the applicants provide the following to demonstrate the written description of the present application relating to nucleotide sequences encoding an amino acid sequence comprising at least one genotype-specific amino acid. Moreover, the following analysis also demonstrates how genotype-specific triplet codons (nucleotides) are described in a manner similar to genotype-specific amino acids.

Specifically, the following Table 1 summarizes the demonstrated genotype/subtype specific amino acids/nucleotides with reference also to the following Annexes A-K.

Table 1. Examples of genotype/subtype specific amino acids/nucleotides in different regions of HCV sequences as claimed

Examples					
Region	Genotype	Genotype specific amino acid		Genotype specific triplet codon	
V-Core	1e	Annex A	E68	Annex F	GAG (202-204)
V2-E1	7d	Annex B	N217	Annex G/H	AAT (649-651)
V3-E1	2i	Annex B	W231	Annex H	TGG (691-693)
NS5B	4l	Annex C	L2681	Annex I	TTG (8041-8043)
NS5B	9a	Annex D	F2727	Annex J	TCT (8179-8181)
NS5B	7c	Annex E	D2753	Annex K	GAC (8257-8259)

The following Annexes A-E are annotated copies of pages 45/74 (Core), 49-50/74 (E1) and 69-74/74 (NS5B) of the Figures of the present application. These Figures are alignments of amino acid sequences of the Core, E1 and NS5B regions of

some of the newly identified HCV subtypes of the present invention with known prototype sequences from the corresponding regions. As explained in the specification, amino acids at a certain position representing a specific subtype differing from other amino acids of known or new subtypes at the same position in the alignment are to be considered as genotype-specific amino acids. Vertical lines have been included on the following annotated copies of the Figures to promote reading of the aligned sequences (see also overview in Table 1). The genotype specific amino acid E68 is part of subtype 1e V-core region specified on page 29, line 4 by SEQ ID NO 109; N217 is part of subtype 7d V2-E1 region specified on page 30, line 21 by SEQ ID NO 154; W231 is part of subtype 2I V3-E1 region specified on page 30, line 32 by SEQ ID NO 163. In the same way, 3 examples were taken from NS5B region.

WO 96/13590

PCT/EP95/04155

45/74

ANNEX A

Isolate	Type	SEQ ID	51	6s	7a	8a	9a	100
HCV-1	1a		KT	S	Q	P	R	P
HCV-J	1b		R	R	P	E	G	R
BNL1	1d	2			X	X	S	
BNL2	1d	6		D		Q	S	D
CAM1078	1e	10/60						
FR2	1f	12						
FR16	1g	66						
HCV-6	2a							
HCV-8	2b							
CH610	2c							
NE92	2d							
BNL3	2e	14						
FR4	2f	18						
FR13	2k	76						
EB1	3a							
NZL1	3a							
HCV-TR	3b							
GB358	4c							
DK13	4d							
CAM600	4e							
GB809	4e							
BNL7	4k	28						
HPCCOREZA	4?							
HPCCOREZB	4?							
HPCCOREZC	4?							
GB724	4?							
BE95	5a							
HK2	6a							
VN13	7a	46						
VN4	7c	44						
VN12	7d	48						
FR1	9a	42						
NE98	10a	50						
FR19	11a	104						

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

ANNEX B

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
			201	210	250	250
HCV-1	1a		YNWINDCPSSSIVYEANDAILHTGCCVPOWEGNASRCWVAEPTVAERD			
HCV-J	1b		-----S-----M-M-----S-F-----L-L-A-N			
HNL1	1d	4	-----S-----I-M-M-M-Y-----D-HL-----M-L--L-VKX			
HNL2	1d	8	-----L-----S-----I-M-SGM-A-----N-S-----MXL--L-VK-			
FR2	1f	12	-----S-G-----R-I-----X-----I-----PL--L-A-I			
HC-J6	2a		-----M-----T-D-----TWOLCA-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-VQQ			
HC-J8	2b		-----YA-----S-N-----TWOLCA-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-VKH			
CH610	2c		-----M-----S-----NOLLE-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-Q			
SE3	2c		-----MP-----S-----NOLLE-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-Q			
NE92	2d		-----M-----Q-----NOLLE-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-VSQ			
HNL3	2e	16	-----MA-----S-N-----NOLLE-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-VSK			
FR4	2f	18	-----MA-----A-D-----NOLLE-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-VSR			
HNL4	2g	20	-----MA-----S-N-----INOLLE-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-VNO			
HNL5	2h	24	-----M-----S-----NOLLE-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-VSO			
HNL6	2i	26	-----M-----S-----NOLLE-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-VSQ			
FR13	2j	76	-----M-----S-X-----TWOLCA-V-V-----EPV-T-----IPVS-N-I-VSR			
BR36	3a		-----VL-----S-G-----D-V-----I-----OD-T-T-TPV--VKY			
HCVTR	3b		-----VL-----S-G-----D-V-----I-----OD-T-T-TPV--VKY			
24	4a		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
21	4b		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
GB809-4	4c		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
GB116	4c		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
GB215	4c		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
GB358	4c		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
DK13	4d		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
CAM600	4e		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
GB809-2	4e		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
CAM622	4f		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
CAM627	4f		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
GR549	4g		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
GB438	4h		-----I-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
HNL7	4k	30	-----Y-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
HNL8	4k	32	-----Y-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
HNL9	4k	34	-----Y-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
HNL10	4k	36	-----Y-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
HNL11	4k	38	-----Y-----I-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

W/O 9412390

49/74

PC/EP/SM/ISS

HNL12	4l	40	-----I-----V-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
GB724	4k		-----I-----V-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
BE95	5a		-----L-----L-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
BE100	5a		-----L-----L-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
HK2	6a		-----L-----L-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
VN4	7a	44	-----L-----L-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
VN12	8a	48	-----L-----L-----DHH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
FR1	9a	42	-----L-----S-N-----F-ETH--L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			
NE98	10a	52	-----M-----S-G-----C-I-----L-----L-----Q-S-ITVST--V-I			

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

W/O 9412390

50/74

PC/EP/SM/ISS

ANNEX C

Figure 6. MS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	2645	2660	2670	2680	2690	2694
HCV-1	1a		STVTESDIRTEEAIVCCDLPQAPVAINSLTERLYMSSPLTNSRGENC					
HCV-J	1b		-----N-----S-----A-E-Q-R-----K-Q-----					
2774	1c		-----H-D-A-N-----K-----					
BNL1	1d	54	-----N-V-S-----A-E-K-----X-K-Q-----					
BNL2	1d	56	-----N-XS-----AXE-K-----K-Q-----					
FR17	1d	58	-----N-V-S-----A-E-K-----K-Q-----					
CAM1078	1c	62	-----A-----S-----H-E-----K-----					
FR2	1f	64	-----S-----S-----E-K-R-----K-Q-----					
FR16	1g	68	XX-----V-XS-----A-E-----K-Q-----					
HC-J6	2a		-----R-----S-RA-S-PEE-HT-----H-----MF-K-QT-----					
HC-J8	2b		-----R-----S-A-S-PEE-TV-----H-----M-K-QS-----					
ARG8	2c		-----S-S-PEE-T-----H-----M-K-QS-----					
NE92	2d		-----R-----S-LA-S-PE-----T-----H-----ML-K-QT-----					
BNL3	2e	70	-----R-X-----S-A-S-PE-----T-----H-----MM-K-QS-----					
FR4	2f	72	-----R-----S-LA-S-PE-----T-----H-----MM-K-QS-----					
BNL5	2h	74	-----A-R-----S-LA-S-PE-----T-----H-----MM-K-QS-----					
FR13	2k	78	-----R-V-SV-LS-S-PEE-A-----H-----MQ-K-QS-----					
FR18	2l	80	-----R-N-S-FLA-S-PEE-TV-----H-----MM-K-QS-----					
BR34	3a		-----C-----MF-----R-AO-----					
BR36	3a		-----C-----MF-----K-AO-----					
BR37	3a		-----C-----MF-----K-AO-----					
FR9	3b		-----X-----E-----E-D-K-SA-----MY-K-LQ-----					
PAX64	3g	82	-----Q-V-E-----E-E-R-----MF-K-LK-----					

GE48	4c		-----R-V-EV-----E-E-K-TA-----MH-K-DL-----					
GB116	4c		-----R-V-EV-----E-E-R-TA-----MH-K-DL-----					
GE215	4c		-----K-V-EV-----E-E-KV-TA-----MH-K-DL-----					
GB158	4c		-----K-V-EV-----E-E-K-TA-----MH-K-DL-----					
GE809	4c		-----R-KV-EV-----E-E-KV-TA-----MH-K-DL-----					
CAMC22	4f		-----R-V-EV-----E-E-T-KV-SA-----MH-K-DL-----					
GE949	4g		-----R-----S-----E-E-KV-SA-----MY-K-DL-----					
GE439	4h		-----R-V-E-----E-E-KV-SA-----MY-K-DL-----					
CAR4/120541	4i		-----R-KV-EV-----E-E-KV-TA-----MH-K-DL-----					
CAR4/50143	4j		-----X-R-----GV-----E-E-KV-TA-----MF-K-DL-----					
EG13	4k		-----V-----N-E-E-K-TA-----MH-K-DL-----					
BNL8	4l	84	-----K-V-EV-----E-E-KV-TA-----MH-K-DL-----					
BNL12	4m	86	-----K-V-EV-----E-E-KV-TA-----MY-K-DL-----					
EG81	4n	88	-----R-V-EV-----E-E-R-SA-----MF-K-DL-----					
BE25	5a		-----H-M-S-----S-O-E-A-E-Q-----MY-K-QQ-----					
CHRI8	5a		-----H-M-S-----SLY-C-E-----R-Q-----MY-K-QQ-----					
VN13	7a	90	-----R-VQ-HD-----K-E-A-T-----D-X-MX-K-QA-----					
VN4	7c	92	-----R-X-HD-----O-V-E-R-----D-X-MX-K-QA-----					
VN12	7d	94	-----S-R-HD-----O-V-E-R-----D-X-MX-K-QA-----					
FR1	9a	96	-----GR-KD-LS-O-E-K-----MY-K-QL-----					
NE99	10a	98	-----O-V-LS-T-A-----KDE-RV-T-----MY-K-QH-----					
FR14	11a	100	-----R-----S-LS-O-PEE-K-----ME-K-QA-----					
FR15	11a	102	-----R-----S-KXA-O-PEE-K-----MS-K-QA-----					
FR19	11a	106	-----R-----S-KA-O-PEE-K-----ME-K-QA-----					

ANNEX D

Isolate	Type	SEQ ID	2695	2700	2705	2710	2715	2720	2725	2730	2735	2740	2744
HCV-1	1a		YRRCPASGVLITTCGNTLTCTYIKRAACRAAG	QDCIMLVCGDOLVVICE									
HCV-J	1b		-----L-T-----K-----										
2TY4	1c		-----L-----P-----										
BNL1	1d	54	-----L-----K-R-----										
BNL2	1d	56	-----L-----R-----										
FR11	1d	58	-----L-----K-----										
CAM1078	1e	62	-----L-----P-----										
FR2	1f	64	-----K-----S-----										
FR16	1g	68	-----L-A-----K-EE-----										
HC-J6	2a		-----M-I-V-L-K-----LAP-----S-										
HC-J8	2b		-----F-M-M-L-K-----LV-PV-----S-										
ARG8	2c		-----A-M-M-V-N-----LVAP-----										
NE92	2d		-----F-M-I-V-Q-K-----LAP-----S-										
BNL3	2e	70	-----M-I-V-L-K-----LVAP-----S-										
FR4	2f	72	-----M-I-V-L-K-----LVAP-----S-										
BNL5	2h	74	-----M-I-V-L-K-----LVAP-----J-S-										
FR13	2k	78	-----M-I-L-Q-----LVAP-----S-										
FR18	2l	80	-----F-M-I-V-M-----LVAP-----S-										
BR34	3a		-----P-F-I-V-T-A-----RNPDE-----VA-										
BR36	3a		-----P-F-I-V-T-AK-----RNPDE-----VA-										
BR33	3a		-----P-F-I-V-T-AK-----RNPDE-----VA-										
T9	3b		-----P-F-I-V-K-S-----X-PSF-----VS-										
PAK64	3g	82	-----P-Y-I-V-A-----X-PSF-----VA-										

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

WO 96/13590

71/74

PCTEP/2004/15

GB48	4c		-----Y-F-L-S-I-R-----A-----										
GB116	4c		-----Y-F-L-S-I-R-----A-----										
GB215	4c		-----Y-F-L-S-I-S-----A-----Y-----A-										
GB358	4c		-----Y-F-L-S-I-R-----A-----										
GB809	4e		-----Y-F-M-L-S-I-R-----A-----										
CAMG22	4f		-----Y-F-FL-T-EK-----A-----										
GB549	4g		Q-----Y-F-V-L-V-T-----XG-S-----										
GB438	4h		L-----Y-F-V-L-T-T-----A-----										
CAR4/120541	4j		L-----Y-F-V-L-T-T-----A-----										
CAR1/501	4j		Q-----F-Y-L-T-T-----S-----										
EG13	4j		-----F-F-L-T-I-----A-----										
BNL8	4k	84	-----Y-F-L-S-I-R-----A-----										
BNL12	4l	86	-----Y-F-V-L-T-T-----A-----										
EC81	4m	88	-----Y-F-L-T-T-----A-----										
BE95	5a		-----F-M-M-L-S-R-----A-----										
CHR18	5a		-----F-M-M-L-S-K-----L-----A-----										
VN13	7a	90	-----L-A-----L-Q-----R-FD-----S-										
VN4	7c	92	-----L-L-L-Q-----R-KNYD-----A-										
VN12	7d	94	-----F-L-M-L-Q-----XK-KNFD-----A-										
FR1	9a	96	Q-----P-M-I-FL-T-----GP-YD-----VT-										
NE98	10a	98	-----P-F-I-K-TK-----XKNPSF-----A-										
FR14	11a	100	-----F-L-M-K-K-----LV-PV-----S-										
FR15	11a	102	-----F-L-M-K-KK-----LV-PV-----S-										
FR19	11a	106	-----F-L-M-K-K-----LV-PV-----S-										

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

WO 96/13590

72/74

PCTEP/2004/15

W0 96513230

73174

PC11287504155

WD 96013590

76176

PCIEFF95.041133

GB48	4c				D-E-KA-G
GB116	4c				D-E-KA-G
GB115	6c				D-E-KA-GV
GB358	4c				D-E-KA-G
GB309	4e				G-E-KA-G
CAME22	4f				D-E-KA-G
GB549	4g				G-E-KA-G
GB438	4h				D-E-KA-G
CAR4/120541					-1-AU-KA-T
CAR1/501	4j				-E-KA-P
BFL8	4k	84			D-E-KA-X
BFL12	4l	86			E-E-SG
EG81	4m	88			D-D-KA-Q
BE95	5a				-Q-TH-E
CHR18	5a				-Q-TH-K
VN13	7a	90			-L-S-1A
VN4	7b	92			-G-S-1A
VN12	7c	94			-G-P-1A-V
FR1	9a	96			-N-1-A
ME98	10a	98			-1D-KA
FR14	11a	100			-K-E-KA-V
FR15	11a	102			-K-E-KA
FR19	11a	106			-K-E-KA

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

The following Annexes F-K are annotated copies of pages 5/74 (Core), 13-14/74 (E1), 59-60,63-64,67-68/74 (NS5B) of the Figures of the present application. These Figures are alignments of nucleotide sequences of the Core, E1 and NS5B regions of some of the newly identified HCV subtypes of the present invention with known prototype sequences from the corresponding regions. Similarly, triplet codons at a certain position representing a specific subtype differing from other triplet codons of known or new subtypes at the same position in the alignment are to be considered as genotype-specific triplets. Vertical lines are meant to promote reading of the aligned sequences (see also overview in Table 1).

ANNEX F

5/74

Figure 1 - continued

		201	210	220	230	240	250
HCV-1	1a	CGCTCGTCCGCCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGTCCCGGTACCCCTTGGC					
HCV-J	1b	-----C-----					
HC-G9	1c	---C---C---A---A---T---G---					
BNL1	1d	-----Y---Y-----T-----					
BNL2	1e	---C-A-T---T---NN-----A-C-T-C---					
CAM1078	1f	---AG---C-A-----T-----					
FR2	1f	---C-A-----T-----T-----A---					
HC-J6	2a	---A---G-CT-ACT---AAT---GAA-A-A-A---C---					
HC-J8	2b	A-A---G-CT-ACC---A-T---GAA---A-A-T---					
S83	2c	A-A---G-CA-ACT---A-T---GAAG---A-A---					
NE92	2d	A-A---G-C-ACT---A-T---GAA-A-A-A---					
FR4	2f	A-A---G-CG-ACT---A-T---GA-GT-A-A---					
BNL3	2e	A-A---GN-NG-ACT---T---GA-GT-A-A-T-C---					
BNL5	2h	A-A---G-CT-ACT---AAT---GA-GT-A-A---					
NZL1	3a	---G---AG---A---C-T-----					
HCV-TR	3b	---CTC---G---C---T-----					
NE46	3c	---G---TGG---AC---T---G-----					
NE274	3d	---A---AG---C---T-----T-----					
NE145	3e	---A-C-C-AG-GA-AC-T---G---T---C---					
NE125	3f	---A-C-AAG---C---T---C---T---					
Z4	4a	---G-C-A---A---AT---G-----					
Z1	4b	---G-C---T-----T-----					
GB358	4c	---A---AT-T---A---T-----A---					
DK13	4d	---G-C-AA-T---T---T-----T---T---					
GB809	4e	---G-C-AT---AT---G-----T---					
BNL7	4k	---G---AT---A---T---A---A-A-T-A---					
BE95	5a	---G-C-A---AC---C-T---G---A---					
HK2	6a	---G-C-A---C---CA-----A---					
FR1	9a	---TA---C-A---GACA---C-T-G---G---A---C---					
VN4	7c	A-TG---C-AC-AAAC---C-T---C-----C---					
VN13	7a	---TG---AC-AAAC---C-T---A-----C---					
VN12	7d	---TG---C-A-AA-C-A---C-A-----T---C---					
NE98	10a	---G-C-AA-----T-----					

ANNEX G

Figure 1 - continued

13/74

		601	610	620	630	640	650
HCV-1	1a	TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCCGC					
HCV-J	1b	-----T-----G-C-C-----T-C-----A-----T-----A-----					
HC-G9	1c	-----T-----C-----C-----TG-TCCG-----A-----A-----					
BNL1	1d	-----T-----C-----C-----TT-C-----C-CA-C-T-----AT-A-----					
BNL2	1d	-----T-----TC-----C-----TT-C-----C-CA-C-T-----AT-AG-----					
FR2	1f	-----T-----T-----C-----TT-C-----GGC-C-C-A-T-----AAA-----					
HC-J6	2a	---ATG---G---C---C---A-C---TGAT---C---ACC-GGC-ACTCCA					
HC-J8	2b	---T---C---T-----T-A---AAC---C---CACC-GGC---CTCA-					
S83	2c	---ATGCCG---C---T-C---T---C---T-GGC---CTT-A					
NE92	2d	---ATG---A---C---C---AG---AGT---C---C---C-GGC---CTCAG					
BNL3	2e	---TATG-CA---C---C---T-C---AAC---C---A-GGC-ATT-N					
FR4	2f	---ATG-CG---T---C---TG-C---TGAC---C---C---C-GGC---CTCAG					
BNL4	2g	---ATG-CA---C---C---TT-C---AAC---C---CA-C-GGC-AAT-CA					
BNL5	2h	---TATG---G-----T-A---AGC---C---C-GGC---CTTAA					
BNL6	2i	---ATG---G-----T-G---AGC---C---C---T-GGC---CTC-A					
NZL1	3a	---GT-C-T---C---C---TT-C---TAGC-----T-----C-A					
HCV-TR	3b	---TGTGC-T---C---C---T---TGG---C-----C-A					
NE48	3c	---ATAC-----C---TT-G---AGC---C---A-----T-----C-A					
NE274	3d	---GTGC-----C---C---T---GGC---C-----T-----CC-					
NE145	3e	---ATGC-----C---T-A---AGC---C---A---A-----T-----A					
NE125	3f	---ATAC-T-----C---C---T---AGC---C---C-----T-----T-A					
24	4a	---T---A-----T-G---T-C---A-C---T---A---T-A					
Z1	4b	---T---T-----A-C---C---A-----A---A					
GB358	4c	---T---A-----C---G---C---A-----A-C-A					
DK13	4d	---T---C-----G-----C---A-C---T---AA-C-A					
GB809	4e	---T---A-----C---C---G-TG---C---A-----A-C-A					
BNL7	4k	---T-T-----G---T-A-C-A-----T-----C-A					
BNL8	4k	-----C---G-----C---A---T---T-----C-A					
BNL9	4k	---T-TA-----C---C---G-T-A-C-A-----T-----C-A					
BNL10	4k	---T-----C---G-T-A-C-A-----T-----C-A					
BNL11	4k	---T-----C---G-T-A-C-A-----TT-----C-A					
BNL12	4l	-----C---C---G---C---C-A-----T---T-C-A					
BE95	5a	---T---T---T-----A-----TTCC---A-C---T-----A-A					
HR2	6a	-----TC---A-----C-----C---C---CTG-----A					
FR1	9a	-----TC-T-----C---T-G---AAC---C---C---T-TT-----A					
VN4	7c	-----TC-----C---C---C---AGC---C---C---T---T-----A					
VN12	7d	---T---TC-A-----C---C---TAGC---C-----T-----AA					
NE93	10a	---ATG---A---T---C---C---AG---GGT---C---T-----C-G					

ANNEX H

14174

Figure 1 - continued

		651	660	670	680	690	700
HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACTCCGGGGTCCGTCCTTGGCTTCGTGAGGGCA					
HCV-J	1b	C-CATG-A-----C-C-----G-C-----C-G-A-T-					
HC-G9	1c	GA-CCTG-A-----TCTG-C-----T-G-C-A-A-C-----					
BNL1	1d	G-ATG-A-----TAC-A-----G-C-----G-AT-					
BNL2	1d	T-G-ATG-T-----G-C-A-----T-G-C-----G-AA-					
FR2	1f	C-CAT-----T-----G-T-----N-G-C-A-A-C-A----					
HC-J6	2a	C-C---TG---C---GTC-C-----G---ACAAA-T---G-					
HC-J8	2b	T-C-AG-T-C-TCT-T-A-----A-T-AGAA---TAATG					
S83	2c	A-GA-AG-G-T-T-----T-A-----T-AG---ACC-C-					
NE92	2d	G---TG-T-T---GTC-C-----T-----T-AGGACA-----					
BNL3	2a	G-C-GG-G-T-TGT-T-A-T-----C---AGAA-AGCTC-G					
FR4	2f	G-C-GG-G-C-TGT-T-A-T-----C-T-AGA-CTCA-T-					
BNL4	2g	G-GC-GG-G-T-TGT-T-A-T-----G-T-ACTTGC-----					
BNL5	2h	G---TG-G-T---GTC-T-A-T-T-A-T-AGA-GC-CCAA-					
BNL6	2i	G-G---G---T---GTC-T-A-T-T-T-C-T-ACT-CA---A-					
NZL1	3a	T---T---T-----A-C-C-T-A---T-C-AG-C----					
HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA-C-A---G-C---CACAAACC---					
NE49	3c	C---T---T-----TTG-C-T---A-C---CAAA-CAAT-					
NE274	3d	T---A-T---T-----TTG-A-T-T-G-C---AATCA-----					
NE145	3e	A---TG---T-----TG-T-T-T---T-C---GAGA-C----					
NE125	3f	TA---T-----TG-C-C-T-G-C---AC---C-----T-					
Z4	4a	C-CA-----A---TTG-----A-C-T-CATCACT-G-					
Z1	4b	CT-CCA-----A---TTG-A---T---C-T-G-GAC-AG-					
GB258	4c	GC-CCA-----A---CTC-A---TT-A-C---GA-G-TT-G-					
DK13	4d	TT-CCA-----T-A---CTC-----A---T-----GA-G-A-G-					
GB809	4e	A-CA-----T-A---CTC-A-----A-C-T-CAAGACC-G-					
BNL7	4k	C-CA-----T---CTC-A-T-----G-C---CA-A-----G-					
BNL8	4k	C-CCA-----T---CT-A-T-----G-C---CA-ACT-G-					
BNL9	4k	C-CA-----T---CTC-A-T-----G-C---CA-A-T---G-					
BNL10	4k	C-CA-----T-AGCACT-A-T-----G-C---CA-A-T---G-					
BNL11	4k	T-CA-----T---CT-A-A-----G-C---GAAA-----A-					
BNL12	4l	C-CA-----T-A---CTA-A-----T-A-C-T-CAAGACT-G-					
BE95	5a	TA-CCTG-----A---G-A-T-T---G---T-CATGACA-T-					
HK2	6a	T-C-ATG---T---TTTG-T-A---T-G---T-GA-G-TC-ATG					
FR1	9a	GACCATG-A-----TCT-A-T-T---A-TA-CAAG-C---G-					
VN4	7c	GACACTG-TT-----TTG-T-----T-A---T-GAAGRT-RA--					
VN12	7d	GCAAG-----TCTC-----T-----C---GAAGACC-----					
NE93	10a	C---ATT-----C---TTA-T-C-T---C---A---CCT-----					

ANNEX I

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8033	8034	8035	8036	8037	8038	8039
HCV-1	1a		AGGCTTTATGTTGGGGGCTCTTACCAATTCAGGGGGGAGNACTGGCG							
HCV-J	1b		C-----C-----T-C-G-T-----G-A-C-----							
BE90	1b		C-----A-C-----T-C-G-T-----A-C-----T-----							
BNL1	1d	53	C-----G-CA-C-----Y-A-----AA-AC-----							
BNL2	1d	55	C-----G-C-C-----C-A-----A-C-----							
FR17	1d	57	C-----G-A-C-----T-C-A-----C-AA-C-----							
CAM1078	1e	61	C-----G-C-C-----G-CT-G-----AA-----							
FR2	1f	63	C-----A-C-----T-C-G-A-C-----AA-C-----							
FR16	1g	67	C-----A-C-----C-----C-AA-AC-----							
HC-J6	2a		A-----C-E-A-G-CA-GTT-----CAGC-AA-CC-C-----							
HC-J8	2b		A-----C-A-A-G-CA-G-A-----CAGC-AA-C-ATC-----							
BNL3	2e	69	A-----C-C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-C-ATC-----							
FR4	2f	71	A-----C-E-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-C-TC-----							
BNL5	2h	73	A-----C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-AC-TC-----							
FR13	2k	77	A-----G-C-G-A-T-CA-GCA-----CAGC-AA-C-ATC-----							
FR18	2l	79	A-----C-CA-A-C-G-GA-G-TG-----CAGC-AA-CC-TC-----T-----							
T1	3a		C-----CTGC-----A-GTT-----CAGC-AA-CCC-A-T-----							
T9	3b		C-----G-C-C-A-T-CA-GTA-----CAGT-AA-CTCC-G-----							
PAK64	3g	81	C-----C-----A-T-CA-GTT-----CAGC-AA-CTC-A-----							

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

W/O 56/1390

59/74

PT/EP/JP/US/15

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8033	8034	8035	8036	8037	8038	8039
GB49	4c		A-C-C-G-C-T-CA-GCAT-CAGC-A-A-CTTG-----							
GB116	4c		A-C-C-G-C-T-CA-GCAT-CAGC-A-A-CTTG-----							
GB215	4c		A-C-C-G-C-T-CA-GCAT-AGC-AA-A-CTTG-----							
GB358	4c		A-C-C-G-C-T-CA-GCAT-CAGC-A-A-CTTG-----T-----							
GB809	4e		A-C-C-G-C-T-CA-GCAT-CAGC-A-A-CTTG-----							
GB549	4g		A-C-C-G-C-T-CA-GTA-C-C-A-CTTA-----							
BNL8	4i	83	A-C-C-G-C-T-CA-GCA-CAGC-A-A-CTTG-----T-----							
BNL12	4j	85	A-C-C-G-C-T-CA-GTAT-CAGC-AA-CTTG-----							
EG81	4k	87	A-C-C-G-C-T-CA-GTAT-CAGC-AA-CTTG-----T-----							
CHR19	5a		C-C-G-CTG-A-CA-GTAT-CAGC-A-A-AC-A-T-----							
VNI3	7a	89	C-AT-G-CTGC-T-T-CA-GTAT-CAGC-A-A-TC-GCA-T-----							
VNI4	7c	91	C-----G-CTGC-T-T-CA-GTAT-CAGC-A-A-TC-ATCA-T-----							
VNI2	7d	93	C-----G-CTGC-T-T-CA-GTAT-CAGC-A-A-TC-ATCA-T-----							
FR1	9a	95	C-----C-----A-GTA-C-----A-CC-AC-T-----							
HE98	10a	97	C-----CTC-T-T-A-GTT-CAGC-A-A-AC-AC-----							
FR14	11a	99	A-A-A-C-G-C-----GA-EGAA-CAGC-A-CC-GCT-----							
FR15	11a	101	A-A-A-C-G-C-----GA-EGAA-CAGC-AA-CC-GC-----							
FR19	11a	105	A-A-A-C-G-C-----GA-EGAA-CAGC-A-CC-GC-----							

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

W/O 56/1390

60/74

PT/EP/JP/US/15

ANNEX J

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8133	8134	8135	8136	8137	8138	8139
HCY-1	1a		CCCTGACTTCTACATCAAGCCCGCCGCGGCTGCGAGCCGCGGCTG							
HCY-J	1b		-----A-T-T-G-----ACT-G-----T-AA							
BE90	1b		-----T-A-T-C-A-----TCT-----T-GAA							
BHL1	1d	53	-----G-A-----T-G-A-A-A-G-----T-AA							
BHL2	1d	55	-----A-----T-G-A-A-G-----T-AA							
FR17	1d	57	-----A-T-----T-G-A-A-G-----T-GAA							
CAM1078	1e	61	-----C-----T-----TA-----A-----T-GAA							
FR1	1f	63	-----C-T-----A-----G-----T-GAA							
FR16	1g	67	-----A-----C-G-A-GCC-G-----T-AA							
HC-06	2a		-----A-A-----TG-G-A-TTA-G-----T-AA							
HC-08	2b		-----A-G-A-T-----A-TT-G-----T-AA							
BHL3	2c	69	-----A-G-----TA-G-T-AA-A-----T-AA							
FR4	2f	71	-----A-G-T-TG-G-A-----TC-----T-GCA-T							
BHL5	2h	73	-----A-----TG-E-ATTA-I-----CAA-T-----CA-T							
FR13	2k	77	-----T-----A-----T-G-----A-G-----CA-C-----CA-T							
FR18	2l	79	-----A-G-----TG-G-A-AT-----T-CA-----T-C-A-T							
T1	3a		-----AA-----T-----ACA-G-TGCCAAG-----C							
T9	3b		-----AA-A-C-T-----ACT-----A-CA-G-T-G-T							
PAK64	3g	81	-----AA-----C-----A-A-G-TGC-----T-G-C-T							

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

WO 96/13590

63/74

FIGURE 15

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8133	8134	8135	8136	8137	8138	8139
GB48	4c		-----A-IG-C-----C-----A-----TCA-C-TATCAA-----G-G-----IG							
GB116	4c		-----A-G-G-----TC-----A-----TCA-C-TATCAA-----G-G-----G							
GB215	4c		-----A-G-G-----TC-----A-----TCA-C-ATCA-G-GT-----C							
GB358	4c		-----A-G-G-----C-----A-----TCA-C-TATCAA-----G-C-----C							
GB809	4e		-----AA-G-G-----C-T-----TCA-----ATCA-G-T-G-----A							
GB549	4g		-----TG-A-G-T-TC-----GTI-G-TAC-A-G-----T-C							
BHL8	4k		-----A-G-G-----C-----A-----TCA-I-TAT-A-----G-----G							
BHL12	4l		-----AG-G-C-----TC-T-----ACC-----TACCA-G-T-----C-A							
EG81	4m		-----A-G-C-----C-----AC-----C-TACCA-----G-C-C-G							
CHR18	5a		-----A-G-G-----T-----TTTA-CT-----A-----AA							
VN13	7a	89	-----T-G-----T-G-A-T-A-----G-A-CA-----T-C-----G							
VN4	7c	91	-----A-A-----TT-G-A-A-AA-----G-A-G-A-AA-----							
VN12	7d	93	-----A-G-A-----C-G-----T-A-G-T-----A-G-A-RA-----							
FR1	8b	95	-----A-A-----T-C-G-----AACCC-C-T-----A-C-----CT-T							
NE98	10a	97	-----AA-----C-T-----A-AA-----TACCAA-----T-C-AA-T							
FR14	11a	99	-----A-C-----I-----A-TAAA-G-T-AA-----T-CA-T							
FR15	11a	101	-----A-G-----T-----AAR-----T-AA-----Y-T-CA-T							
FR19	11a	103	-----A-C-----T-----A-AA-----G-T-AA-----T-CA-T							

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

WO 96/13590

64/74

FIGURE 16

ANNEX K

Isolate	Type	SEQ ID	7240	7150	7160	7170
MCV-1	1a	8232	AAAGCGGGGGTCCAGGACGACGGCGGGAGGCTGACAGCC			8271
MCV-J	1b		G-T-AAC-A-T-GC-AC			
BE90	1b			AAC-A		AC-T
BNL1	1d	53	G-T-A-G-A		A-AC-T	
BNL2	1d	55	G-A-G-A		A-AC-T	
FR17	1d	57	G-T-R-A-G		A-AC-T	
CAM1078	1e	61	G-T-TA-AC			C
FR2	1f	63	G-T-A-N-N	TC-T		
FR16	1g	67	G-T-T-T-T			
HC-J6	2i		C-CA-AC-C	A-CC-A		
HC-J8	2b		G-CAA-TAA-G	A-CGA-A		T
BNL3	2e	59	G-TCA-A-G	ACCG-A		
FR4	2f	71	G-TCA-CTG	A-GA-A		T
BNL5	2h	73	G-TCA-AAC-G	T-A-G-A		T
FR13	2k	77	G-TCA-ACG-AG	A-AC-A		C-T
FR18	2i	79	G-TCA-AC-G	A-CGA-AT		T
FR1	3a		G-AT-C-G-T	TAG-ACC		
FR9	3b		TGC-C-G	AGA-ACCT-C		
PAK64	3g	81	G-TTGC-KC-TG-T	G-ATAG-GCAGC		

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

W/O 96/1350

67/74

PCT/EP/2005/0155

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c		G-AT-C-AG	AAACCGCC-CG
GB116	4c		G-AT-C-AG	AAACCGGC-CG
GB215	4c		G-AT-C-AG	AAACGAGC-CG
GB358	4c		G-AT-C-TG	AAACGAGC-CG
GB809	4c		G-GT-C-TG	AAACGAGC-CG
GB549	4g		G-GC-C-AG	T-AAGGC-CC
BNL8	4k	83	G-AT-C-AG	TAAACGAGC-CCN
BNL12	4l	85	G-A-C-AG	TT-CACCC-CC
EG81	4m	87	G-AT-C-GG-C	CGCCGAGC-CCA
CHR18	5a		G-CA-ACC-C	TAAAT
VNI3	7a	89	G-TTT-TT	A-TGCGCA-C
VNI4	7b	91	G-T-GA-A-TCT	T-T-AGGC-C
VNI2	7d	93	G-GA-A-CT	T-C-GCC-C
FR1	9a	95	G-T-T-A-A-C	TATC-T-A
NE98	10a	97	G-T-A-A-G-T	AA-AGCC-T
FR14	11a	99	AA-GG	CA-CGGA-AC
FR15	11a	101	G-AA-AG	CA-CGGA-AC
FR19	11a	105	AA-GG	CATCGAGA-AC

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

W/O 96/1350

68/74

PCT/EP/2005/0155

The above is submitted to demonstrate that one of ordinary skill in the art will be able to delineate a region of at least 12 contiguous nucleotides of the claimed polynucleic acid sequences wherein the amino acid sequence encoded by said at least 12 contiguous nucleotides comprises at least one genotype-specific amino acid residue, around the genotype-specific amino acid, as exemplified in the Annexes, and more generally, in all other claimed sequences.

Withdrawal of the Section 112 rejections is requested.

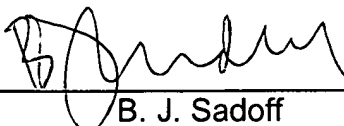
The claims and Figures have been amended above to correct certain typographical errors based on the priority documents, without prejudice. Support for the amendments may be found throughout the specification. No new matter has been added. The applicants understand that Amendment of July 11, 2005 has been entered and the above amendments have been made based on that understanding.

The claims are submitted to be in condition for allowance and a Notice to that effect is requested.

Maertens et al
Appl. No. 08/836,075
Monday, December 12, 2005

Respectfully submitted,

NIXON & VANDERHYE P.C.

By: 
B. J. Sadoff
Reg. No. 36,663

BJS:
901 North Glebe Road, 11th Floor
Arlington, VA 22203-1808
Telephone: (703) 816-4000
Facsimile: (703) 816-4100

1/74

Fig. 1A

SEQ ID	NO		1	50
208	HCV-1	1a	ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG	
209	HCV-J	1b	-----A-----G-----C-----	
210	HCG9	1c	-----G-----C-----	
1	BNL1	1d	-----G-----C-----	
5	BNL2	1d	-----G-----C-----	
9	CAM1078	1e	-----G-----C-----A-A-----	
11	FR2	1f	-----G-----C-----C-----	
211	HC-J6	2a	-----A-----G-----C-----A-A-----	
212	HC-J8	2b	-----A-----G-----C-----A-A-----A-----	
213	S83	2c	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
214	NE92	2d	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
17	FR4	2f	-----A-----G-----CT-----A-A-----T-----	
13	BNL3	2e	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
21	BNL5	2h	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
215	NZL1	3a	-----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----	
216	HCV-TR	3b	-----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----	
217	NE48	3c	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
218	NE274	3d	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
219	NE145	3e	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----GT-----	
220	NE125	3f	-----ATT-----G-C-CC-----A-A-----ACC-----	
221	Z4	4a	-----G-----C-----	
222	Z1	4b	-----A-----G-----C-----	
223	GB358	4c	-----G-----C-----	
224	DK13	4d	-----G-----C-----	
225	GB809	4e	-----T-----G-----C-----	
27	BNL7	4k	-----G-----C-----	
226	BE95	5a	-----G-----C-----A-A-----	
227	HK2	6a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----	
228	FR1	<u>9a</u> 7a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A--T--T-----	
43	VN4	<u>7c</u> 8a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
45	VN13	<u>7a</u> 8b	-----ACT-----G-----C-----A-----	
47	VN12	<u>7d</u> 9a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----A-----	
49	NE98	10a	-----ACT-----A-----G-----C-----A-A-----N	

2/74

Fig. 1B

SEQ ID			51	100
NO				
208	HCV-1	1a	TCGCCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAG	
209	HCV-J	1b	C-----T-----C--T-----	
210	HC-G9	1c	C-----T-----C-----C-----	
1	BNL1	1d	C----T--K-GS--NNNNNNN-----	
5	BNL2	1d	C-----N-----T-----	
9	CAM1078	1e	C-----C--T--C-----	
11	FR2	1f	C-----T--A-----G--G-----G-----	
211	HC-J6	2a	-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----	
212	HC-J8	2b	C-----T-----C-----C-----	
213	S83	2c	C-----C--T--C-----C-----	
214	NE92	2d	C-----C--T--C-----C-----	
17	FR4	2f	-----T-----C-----C-----C-----	
13	BNL3	2e	C-----C-----C-----C-----	
21	BNL5	2h	C-----T-----C--T--C-----C-----	
215	NZL1	3a	-----A-----	
216	HCV-TR	3b	-----A-----T-----C-----A-----	
217	NE48	3c	-----C-----	
218	NE274	3d	-----T-----C-----C-----	
219	NE145	3e	-----G--A-----T-----C-----C-----	
220	NE125	3f	C-----C--T--G-----	
221	Z4	4a	C----CAT-----A-----T--C-----C----	
222	Z1	4b	-----CAT--T--G--A-----C-----C-----C----	
223	GB358	4c	C----CAT-----T-----C--T--C-----C----	
224	DK13	4d	C----AT-----T-----C-----C-----C----	
225	GB809	4e	C----CAT-----T-----T--C-----C----	
27	BNL7	4k	C----CAT-----T-----T--C-----C----	
226	BE95	5a	-----C--T-----C-----	
227	HK2	6a	-----AC-----C-----	
228	FR1	<u>9a</u> 7a	-----TAT-----C-----C-----	
43	VN4	<u>7c</u> 8a	C-----C-----	
45	VN13	<u>vb</u>	-----	
47	VN12	<u>7d</u> 9a	-----AT--T-----C-----	
49	NE98	10a	C--G-----T-----A--C-----	

3/74

Fig. 1C

SEQ ID	NO		101	150
208	HCV-1	1a	TTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA	
209	HCV-J	1b	-----C-----C-G-----T--G	
210	HC-G9	1c	-----C-----C-G-----G	
1	BNL1	1d	-----C-----C-GNN-----T--G	
5	BNL2	1d	-----C-----C-G-----C--G	
9	CAM1078	1e	-C--G--C-A-----AG--C-G	
11	FR2	1f	-----C--G-----G	
211	HC-J6	2a	-A-----C--G-----A--G	
212	HC-J8	2b	-----C-----C--G-----A--G	
213	S83	2c	-A-----C-----G-----G	
214	NE92	2d	-A-----CC-G-----G	
17	FR4	2f	-----C--G-----C-A--G	
13	BNL3	2e	-----C-----	
21	BNL5	2h	-A-----CC-G-----G	
215	NZL1	3a	-A--G-----AC-----C-T	
216	HCV-TR	3b	-A--TG--C-----T-----AC-----AGTAC-T	
217	NE48	3c	-A--G-----CT-----T--AC-T	
218	NE274	3d	-C-----AC-----A-----AGTTC-T	
219	NE145	3e	-A-----AC-----A--TC-T	
220	NE125	3f	-A--G-A-----AC-----AGT-C-T	
221	Z4	4a	-----C--G-----TC--	
222	Z1	4b	-----C-----CC-G-----AG-TC-G	
223	GB358	4c	-----C--G-----T--G	
224	DK13	4d	-----T--G	
225	GB809	4e	-----G-----TC-G	
27	BNL7	4k	-----C--G-----TC-G	
226	BE95	5a	-----GA-----TC-G	
227	HK2	6a	-----CC-G-----	
228	FR1	<u>9a</u> 7a	-----C-T-----	
43	VN4	<u>7c</u> 8a	-C-----C-----GC-C-----	
45	VN13	<u>7a</u> 8b	-----C-T-----G	
47	VN12	<u>7d</u> 9a	-C-----A-----AC-T-----G	
49	NE98	10a	-----G--C-A--A-----CCAG-----T--AGT-C-C	

4/74

Fig. 1D

SEQ ID			151	200
NO				
208	HCV-1	1a	AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA	
209	HCV-J	1b	-----T--A--G--A--A-----	
210	HC-G9	1c	-----C--G--G-----T-----	
1	BNL1	1d	-----A-----T--C--G--A-----	
5	BNL2	1d	-----G-----T-AC--G--A-----T--T--	
9	CAM1078	1e	-----G-----T--G--G--C--A-----T-----	
11	FR2	1f	-----C--A--G--A-----	
211	HC-J6	2a	-----G-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--	
212	HC-J8	2b	-----T-----A--C--G--G--T--AC-----C-----C-----G--	
213	S83	2c	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--	
214	NE92	2d	--A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----	
17	FR4	2f	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----A--	
13	BNL3	2e	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--	
21	BNL5	2h	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--	
215	NZL1	3a	--A-----T--A-----A--G-----C--AC-----A-----	
216	HCV-TR	3b	-----G-----CAAACAG-----C-T-----	
217	NE48	3c	-----A--G-----C--CGC--G--G-----	
218	NE274	3d	--A-----AG-----C--CAACC--G--G-----	
219	NE145	3e	-----A-----A-----C--C--AC--G--A-----T-----	
220	NE125	3f	--AT-----C--AC--G--G-----	
221	Z4	4a	-----G-----T--C--G-----A-----	
222	Z1	4b	-----G-----A-----T--C--G-----	
223	GB358	4c	-----G-----T--G-----	
224	DK13	4d	-----G-----T--G--G--C-----	
225	GB809	4e	-----G-----T--G--G--C--A-----	
27	BNL7	4k	-----G-----T--G-----C--A-----	
226	BE95	5a	-----G--A-----C--T--AC--G-----T-----	
227	HK2	6a	-----A--C--G--CA---C--G--C--A-----A--A--	
228	FR1	<u>9a</u> 7a	-----C-----A-----C--G--A-----C--G--C-----C--A--A--	
43	VN4	<u>7c</u> 8a	-----T--A-----C--G--CA-----G--C--A--A--A-----	
45	VN13	<u>7a</u> 8b	--A-----T--A-----C--G--CA--G-----C--A-----A--G--	
47	VN12	<u>7d</u> 9a	-----G--A-----C--GG--CA-----G--C--A--A--A-----	
49	NE98	10a	-----CA---G--C--A--C-----G	

5/74

Fig. 1E

SEQ ID		201	250
NO			
208	HCV-1	1a	GGCTCGTCGGCCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGC
209	HCV-J	1b	-----C-----T-----
210	HC-G9	1c	---C--C--A-----A--T-----G-----
1	BNL1	1d	-----Y--Y-----T-----T-----
5	BNL2	1d	-----C-A-T---T---NN-----A--C-T--C---
9	CAM1078	1e	--AG--C--A-----T
11	FR2	1f	-----C--A-----T-----T-----A---
211	HC-J6	2a	--A---G--CT--ACT---AAT-----GAA-A--A--A-----C---
212	HC-J8	2b	A-A---G--CT--ACC---A-T-----GAA---A--A--T-----
213	S83	2c	A-A---G--CA--ACT---A-T-----GAAG---A--A-----
214	NE92	2d	A-A---G--C--ACT---A-T-----GAA-A--A--A-----
17	FR4	2f	A-A---G--CG--ACT---A-T-----GA-GT--A--A-----
13	BNL3	2e	A-A---GN-NG--ACT-----T-----GA-GT--A--A--T--C---
21	BNL5	2h	A-A---G--CT--ACT---AAT-----GA-GT--A--A-----
215	NZL1	3a	---G-----AG---A--C--T-----
216	HCV-TR	3b	-----CTC--G-----C--T-----
217	NE48	3c	---G-----TGG-----AC--T-----G-----
218	NE274	3d	---A-----AG-----C--T-----T-----
219	NE145	3e	---A--C-C-AG--GA--AC--T-----G---T-----C---
220	NE125	3f	---A--C--AAG-----C--T-----C---T-----
221	Z4	4a	---G--C-A---A-----AT-----G-----
222	Z1	4b	---G--C---T-----T-----
223	GB358	4c	---A-----AT-T---A--T-----A-----
224	DK13	4d	---G--C-AA-T---T---T-----T---T-----
225	GB809	4e	---G--C--AT-----AT-----G-----T-----
27	BNL7	4k	---G-----AT-----A--T-----A-----A--A--T--A---
226	BE95	5a	---G--C-A---AC---C--T-----G---A-----
227	HK2	6a	---G--C-A---C-----CA-----A-----
228	FR1	<u>9a</u> 7a	--TA--C-A---GACA---C-T-G---G---A-----C-----
43	VN4	<u>7c</u> 8a	A-TG--C-AC-AAAC---C-T-----C-----C---
45	VN13	<u>7a</u> 8b	--TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C---
47	VN12	<u>7d</u> 9a	--TG--C-A-AA-C-A--C-A-----T-----C---
49	NE98	10a	---G--C--AA-----T-----

6/74

Fig. 1F

SEQ ID	NO	251	300
208	HCV-1	1a	CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC
209	HCV-J	1b	-----C-----TATG-----A-----A---
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----C-----
1	BNL1	1d	-----N-----C---
5	BNL2	1d	-----A-----C---
11	FR2	1f	-----CT--C-----A-----C--T
211	HC-J6	2a	---A--C--G-----ACT---C---A-----C---
212	HC-J8	2b	---G--C--A--C-----T---C-----T-----C---
213	S83	2c	---G---G-----CT--C---A--G-----C---
214	NE92	2d	---G--C--G-----CT--C---A--G-----C---
17	FR4	2f	---G--C--G--C-----CT--C---A--G-----C---
13	BNL3	2e	---G---G--C---GCT--C---A-----C---
21	BNL5	2h	---G---G--C-----CTT--T---A-----T---C--T
215	NZL1	3a	-----T--C-----A--G-----C--A
216	HCV-TR	3b	-----C--G--A-----T---T---A-----T---C---
217	NE48	3c	-----C--T-----C-----
218	NE274	3d	-T--T-----T-----A-----T---C---
219	NE145	3e	-----T--C-----A--G-----T-----T
220	NE125	3f	-----G-----T-----A-----
221	Z4	4a	-----A--G-----T
222	Z1	4b	---T--C-----T-----A--G-----C---
223	GB358	4c	-T--T--C--T-----T-----A--T
224	DK13	4d	---T--C-----A---
225	GB809	4e	---T--C-----T-----A--G-----C--T
27	BNL7	4k	-T--T--C--T-----T-----ANN-----T---C---
226	BE95	5a	---T--C--C-----CT-----A--G---G--C--C--T
227	HK2	6a	-T--T-----A--C-----T-----A--T-----C---
228	FR1	<u>9a</u> 7a	---T-----C-----A-----C---
43	VN4	<u>7c</u> 8a	-T--T-----A-----T--T-----A--C-----C---
45	VN13	<u>7a</u> 8b	-T--T-----G-----T--T--C-----A--G-----C---
47	VN12	<u>7d</u> 9a	---T-----G--C-----C-----G-----T---C---
49	NE98	10a	---A---G-----A--G-----C--G

774

Fig. 1G

SEQ ID			301	350
NO				
208	HCV-1	1a	CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCCGGCGTAGGTCGCG	
209	HCV-J	1b	-----T-----	
210	HC-G9	1c	--C-----T-----TT-T-----G-----A--	
1	BNL1	1d	--C-----	
5	BNL2	1d	--C-----	
11	FR2	1f	--C-----C--T-----AT-----A-----A--A--	
211	HC-J6	2a	--A--T--C--T--CTCT-----AT-----A-----C--	
212	HC-J8	2b	--C--G-----T-----CT-----C-----A--A--A--	
213	S83	2c	--C--T-----C--TCA-----C-----A--AA-----	
214	NE92	2d	--A--G-----C--GTCA-----A--T-----AC-----A--	
17	FR4	2f	--G-----C--CTCG-----A--AC-----AC-----A--	
13	BNL3	2e	--A-----	
21	BNL5	2h	--A-----	
215	NZL1	3a	--C-----C--T--ATC-----A--AT-----G-----C--	
216	HCV-TR	3b	-----T-----C-----T-----A--AT-----A--C--	
217	NE48	3c	--C--T-----G-----A--AT-----A--A--C--	
218	NE274	3d	--C-----ATCT-----AT-----A-----T--	
219	NE145	3e	--C-----C--A--G--T-----AC-----A-----C--	
220	NE125	3f	-----C--C-----T-----A--AT-----A--A--	
221	Z4	4a	--C-----ATCT-----A--AT--T-----G--A-----	
222	Z1	4b	--C--T--CA---GTCT-----AT--T-----C--	
223	GB358	4c	-----A--GTCT-----A--AT--T-----A-----C--	
224	DK13	4d	-----GTCT-----G--AT--T-----G-----C--	
225	GB809	4e	--C--G-----GTCT-----T--AT--T-----G-----C--	
27	BNL7	4k	--C--T----	
226	BE95	5a	--A-----AT-----AT-----A--AA-----	
227	HK2	6a	--C-----C-----ACAT-----AT-----C--A--C--	
228	FR1	<u>9a</u> 7a	--C--G-----T----AT-----AC-----A-----C--	
43	VN4	<u>7c</u> 8a	--C-----C--A--AT-----A--AC-----G-----C--	
45	VN13	<u>7a</u> 8b	-NC-----C-----AT-----T--AT-----N--G-----C--	
47	VN12	<u>7d</u> 9a	-----C--GGA-----N----AT-----N--G-----C--	
49	NE98	10a	--C-----	

8/74

Fig. 1H

SEQ ID	NO		351	400
208	HCV-1	1a	CAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA	
209	HCV-J	1b	T-----A-----	
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----	
11	FR2	1f	-----A-----T-----T-----	
211	HC-J6	2a	---CG-----A-----T-----	
212	HC-J8	2b	-----C-GA-----A-----T--T--T-----	
213	S83	2c	---C-----A-----T--T-----	
214	NE92	2d	---C-----T-----T-----	
17	FR4	2f	---C-----C-----T-----T-S-----	
15	BNL3	2e	-----N-NT-----	
215	NZL1	3a	-----A-----A-----A-----	
216	HCV-TR	3b	---C--T-----A-----T--A-----	
217	NE48	3c	-----A-----G-----	
218	NE274	3d	---CC-----A-----A-----A-----T-----	
219	NE145	3e	-----C--T--C--A-----G-----T-----	
220	NE125	3f	---C-----C-----T--A-----T-----	
221	Z4	4a	---C-----G-----	
222	Z1	4b	T---C-----A-----G-----T-----	
223	GB358	4c	---C-----A--C-----T-----	
224	DK13	4d	---C-----A--T-----	
225	GB809	4e	---CC-----A--A-----	
226	BE95	5a	T-----A-----A-----T-----	
227	HK2	6a	G-----A-----T--G-----T-----	
228	FR1	<u>9a</u> 7a	---C-----A--N---NC-A-----	
43	VN4	<u>7c</u> 8a	---C-----A-----C-----T-----	
45	VN13	<u>7a</u> 8b	---CC-----T--N--S-----	
47	VN12	<u>7d</u> 9a	---CC-----C-----C--T-----	

9/74

Fig. 1l

SEQ ID	NO		401	450
208	HCV-1	1a	TGGGGTACATACCGCTCGTCTGGCGCCCCCTCTTGGAGGCGCTGCCAGGGCC	
209	HCV-J	1b	-----T-----T-----C--A--G-----	
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----A--G-----A--T	
11	FR2	1f	-----T-----C--A--G-----T---AA--	
211	HC-J6	2a	-----C--TG---A-----G--C--C---TC-----A--T	
212	HC-J8	2b	-----C--TG---T-----GG-----TC-----A--T	
213	S83	2c	-----CG---T---T---CG---C---T---A---A---	
214	NE92	2d	-----C--TG-----AG---T--T--TC-----A--T	
17	FR4	2f	-----TG-----G--G--C---T---A---	
15	BNL3	2e	-----N--CG-T-----GG-G--C--G-TN-----	
215	NZL1	3a	-----C-----T---G-A-----TC--A--A---	
216	HCV-TR	3b	-----T-----G-G--G---TC--A--A---	
217	NE48	3c	-----T-----CG-G--G---T---A-----	
218	NE274	3d	-----T-----T---G-A--G---TC--A--A--T	
219	NE145	3e	-----T--T-----T--GG-A-----TC--G-----	
220	NE125	3f	-----T-----T--T---CG-A--G---TC--A-----	
221	Z4	4a	----A----C---A---G-----CG-G--G---TC-----T	
222	Z1	4b	----A----T-----A-----G-G--T---TC-----	
223	GB358	4c	----A----C-----A-----CG-G--T---TC-----	
224	DK13	4d	----A----C---G---A-----CG-G--T---TC-----A---	
225	GB809	4e	----A----C-----T-A-----CG-G--T---TC-----A---	
226	BE95	5a	-----T--C-----A---G---CA---G---TC--A-----T	
227	HK2	6a	-----T--CG---G---G---T-G--C---TC--GGCT--G	
228	FR1	<u>9a</u> 7a	-----C--TG--C-A--A-GG--G-----C---T---GGCT---	
43	VN4	<u>7c</u> 8a	-----T--C--TG---A-----T--GW-G-----TC--GGN----	
45	VN13	<u>7a</u> 8b	-A-A-----T--	
47	VN12	<u>7d</u> 9a	---A-----C--TG---T-----C-----T---GGC--AA	

10/74

Fig. 1J

SEQ ID		451	500
NO			
208	HCV-1	1a	CTGGCGCATGGCGTCCGGGTTCTGGAAGACGGCGTGAACATGCAACAGG
209	HCV-J	1b	-----A-----T-----G-----
210	HC-G9	1c	-----A-----T--TA-A--C-----T--C-----
3	BNL1	1d	-----
7	BNL2	1d	-----
11	FR2	1f	---N-A-----T-----C---N--G-----TNNNNNNNNNNNN
211	HC-J6	2a	--C-----GA-A--C---G---G--T--T-T-----
212	HC-J8	2b	-----A--C--T--TA--C---G---GA-A--T--C-----
213	S83	2c	--C--C---G--GA-----G---GA-A--T-----G--
214	NE92	2d	--C-----GA-A-----GA-A-----
15	BNL3	2e	--C--N-----G---C---G---GA-A--T---N-----
17	FR4	2f	--C-----G---C---G---GA-A--T-----
19	BNL4	2g	-----G--A--T-----
23	BNL5	2h	-----GA-A-----C-----
25	BNL6	2i	-----GA-A-----
215	NZL1	3a	--C-----GA--CC--T-----GA-A--T-TC-----
216	HCV-TR	3b	--C--T-----T--GA--CA--T-GG---A-----
217	NE48	3c	--C-----GA--C--T--G---GA-T---TC-----
218	NE274	3d	--C--A-----T--GA-A-CC--T--G---AA-A--T-TC-----
219	NE145	3e	--C--A--C--G--AA--C--C--G---AA-A--T-T-----
220	NE125	3f	--A--A-----T--GA--C--T--G---AA-A--T-----
221	Z4	4a	-----A--C-G---G---GA-T-----
222	Z1	4b	-----A---CCG---G---AA-T---C-----
223	GB358	4c	-----A--C--T--TA--C--G---G---GA-C--T---G-----
224	DK13	4d	-----A--C-----G---G--C--T-----
225	GB809	4e	-----A--C--T--TA--C--G-----GA-C-----C-----
29	BNL7	4k	-----GA-C--T-T-----
31	BNL8	4k	-----GA-C--T-----
33	BNL9	4k	-----GA-T--T-----
35	BNL10	4k	-----GA-C--T-----
37	BNL11	4k	-----GA-T--T-----
39	BNL12	4l	-----GA-C--T-----
226	BE95	5a	--C--A--C--T--GA---C--T--G---G--A-----
227	HK2	6a	--C--A-----GA---CAA-C--G---GA-C--T-----
228	FR1	<u>9a</u> 7a	-----TA---CAA-C--G---G--C--T--C-----
43	VN4	<u>7c</u> 8a	T-----G---AN--NCA-C--G---N--A--T--C-----N
47	VN12	<u>7d</u> 9a	----NA-----T--A---CCA-C--G---GA-A-----
51	NE98	10a	-----AA-T--T-TC-----

11/74

Fig. 1K

SEQ ID		501	550
NO			
208	HCV-1	1a	GAACCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCCCTGCTCTCTT
209	HCV-J	1b	---T--G--C-----CT-A--TT---G---
210	HC-G9	1c	-----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C--
3	BNL1	1d	---T-G--C-----CT---TT---G--C--
7	BNL2	1d	---TT-G-----CT-A--TT-T--G--C--
11	FR2	1f	N-----N-----NN-----CT---NT-A-----
211	HC-J6	2a	---T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C--
212	HC-J8	2b	---TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A--
213	S83	2c	---TT-G--C-----T--CT-----CT-G---
214	NE92	2d	---T-G--C-----C--T-----T-AT-----A---
15	BNL3	2e	-----C-----C--T-----TNGT---T--T--G---
17	FR4	2f	---T-G--C-----C--T-----T-G---T--CT-G---
19	BNL4	2g	---T--G-----T-GT---T--T--G---
23	BNL5	2h	---T-G--C-----C--T-----T-G---T---A--C--
25	BNL6	2i	-----G-----C--T-----T-A-----T---
215	NZL1	3a	---T-G--C-----C--T-----T--T--T-----
216	HCV-TR	3b	---T-----C--T---T---C--C--T--CT---C--
217	NE48	3c	---TT-A-----C--T-----T-G--T--T--CT---A--
218	NE274	3d	---TT-A--C-----T-G--T--TT-----
219	NE145	3e	-----C-----T-----T-G--T--T---G--A--
220	NE125	3f	---TT-G--C-----C--T-----T--T--CT---A--
221	Z4	4a	---T-----C-----T---A--T--T--G--
222	Z1	4b	-----T---T--A--T---G--
223	GB358	4c	---T-----C-----T-CT---A--T--T--G--
224	DK13	4d	---T-----C-----CT---A-----G--
225	GB809	4e	---T--C--C-----C--T-----CT---A--T---G--
29	BNL7	4k	-----C--C-----C--T-----CT---A--C---G--
31	BNL8	4k	-----C-----T-----CT---A--C---G--
33	BNL9	4k	---T-----C-----C--T-----CT---A--T---G--
35	BNL10	4k	---TA---C-----Y--T-----Y---A--T---G--
37	BNL11	4k	---Y--C--C-----T-----CT---A--T---G--
39	BNL12	4l	-----C--C-----A-C---A--T---G--
226	BE95	5a	---TT-A--C-----TA---T--T--T---G--
227	HK2	6a	---T--C--C-----T---A--A---G--
228	FR1	<u>9a7a</u>	---T-----C--T-----CT-A--A---T-A--G--
43	VN4	<u>7c8a</u>	---T-----C--NN---N-----N--CT---A--T---G--
47	VN12	<u>7d9a</u>	---T-----WCT---A--T---G--
51	NE98	10a	---TT-A-----TT--T---A--

12/74

Fig. 1L

SEQ ID	NO	551	600
208	HCV-1	1a	GCTTGACTGTGCCCGCTTCGGCCTACCAAGTGC GCAACTCCACGGGGCTT
209	HCV-J	1b	-T-----CA-C--A-----C--T---G-G-----GTGT-C---A-A
210	HC-G9	1c	--C-----A--C--T-----GT-GG-----TT-----G-G
3	BNL1	1d	-----G--T--AA-KA-C--TC--G-G-----G-AT-C---G-G
7	BNL2	1d	-----G--T--AA--A-C--TC-TG-G-----G-AT-C---G-A
11	FR2	1f	--C-C--A--C--A-C--T-----TG-G---A--G-A-A--C-ATGGC
211	HC-J6	2a	--A-C--CACC--G-TC--C--TGC-G-----AAG---AT--GTACCGGC
212	HC-J8	2b	--G-C--A-----A-TG--T--AGTGG---CA-G---ATT-GTTCTAGC
213	S83	2c	--A-CT-----A-T--C--GTGG-G--CAAGG--A--GGC-ACTCC
214	NE92	2d	-TA-C-----G-TC--C-G--TG--G--CAAG---A---GCA-CTC-
15	BNL3	2e	-TG-C--C-----T-TC--T-N-GTTG-G--CAAA--TA---GTCA-GCC
17	FR4	2f	-TA-C--C-----TG--T--ATA--G--TAAG---AA--GCCACT-C
19	BNL4	2g	-TG-C--C-----T-TC--T--GTG--G--TAAG---A---GTACCA-G
23	BNL5	2h	-TC-C-----G--G--C--TGTG--G--CAAG---A---GCCACTC-
25	BNL6	2i	--A-C--C-----G-TC--T--GTG-----TGCG--CG--GT--TTC-
215	NZL1	3a	----A-T-CAT--A--AG-CAGTCTAG-GTG---G--TA-GT-T--C--C
216	HCV-TR	3b	-----TGC-----G--T-G--TAG-GTACACG---A-GT-T--C--A
217	NE48	3c	-----GTCTGT--T--AG-A-GGCT-G-GTAC--G--TGTAT-C--C--C
218	NE274	3d	-----GTCTGT--T--G-A-GGATTG--TAC--G--TGTGT-T--C--C
219	NE145	3e	-----CT-TGC--T--AGTC-GG-TGG-G--T-----G-AT-C--T--C
220	NE125	3f	-----GT-TCC-----AG--GGCTAG-GTACA-G---A-GT-C--C--A
221	Z4	4a	--C-C-----T--A--G-----TG-G--CTAC--G--TG-TT---CA-C
222	Z1	4b	--C---AACA--A--A--T---GTG--CTAC--G--TG-TT---CG-C
223	GB358	4c	--C-----T---A-C-----GT-A-CTAT-----TG--T---CA-C
224	DK13	4d	--C-----T-----A-CTAT-----AG-T---TG-C
225	GB809	4e	--C-C-----T-----G---G-GTTA-CTAT-----TG-TT---CG--
29	BNL7	4k	--C-----C-----AT-A-CTAT-----TGT-T---CA--
31	BNL8	4k	--C-----T-----ATTA-CTAC-----A--T---CA-C
33	BNL9	4k	--C-----C-----ATTA-CTAC-A---A--T---CA-C
35	BNL10	4k	-TC-----C-----ACTA-CTAT-----GT-T---CA-C
37	BNL11	4k	--C-----C-----AC-A-CTAC-----TGT-T---CA--
39	BNL12	4l	--C-----C--G--C-----TC-G--TTAT--G--TGT-T---CA--
226	BE95	5a	-TC----C--T--G--C--T--AGTT-CCTAC--A--TG--T-T---A--
227	HK2	6a	--C-C--AAC---A-----TCTTACCTACG-----GT-----A
228	FR1	<u>9a</u> 7a	--C-C---ACA--A--C--A--AATT-----CAAG---G--T-T---A-C
43	VN4	<u>7c</u> 8a	--C-T--AACA--A--C--C--GGCG--TTATAC----AAGT-T--C--G
47	VN12	<u>7d</u> 9a	--C-C--CAC---T--C--C--ACTAA-CTATGCT---AAGT-T-----G
51	NE98	10a	-----CT-ACA---A-AG-C-GGCTGG-GTAC--T--TG--T-C--A--C

13/74

Fig. 1M

SEQ ID			601	650
NO				
208	HCV-1	1a	TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC	
209	HCV-J	1b	-----T-----G--C--C--T-C-----A-----T-----A--	
210	HC-G9	1c	-----T-----C--TG--TCCG-----A---A	
3	BNL1	1d	--T--T-----C--C--TT-C-----C--CA-C--T--AT--A	
7	BNL2	1d	--T--TC-----C--TT-C-----C--CA-C--T--AT-AG	
11	FR2	1f	-----T-----T-----C--TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA	
211	HC-J6	2a	---ATG--G-----C--C---A-C--TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA	
212	HC-J8	2b	---T--C---T-----T-A---AAC--C--CACC-GGC--CTCA-	
213	S83	2c	---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A	
214	NE92	2d	---ATG--A-----C---AG---AGT--C--C--C-GGC--CTCAG	
15	BNL3	2e	--TATG-CA-----C--C--T-C---AAC--C--C--A-GGC-ATT--N	
17	FR4	2f	---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG	
19	BNL4	2g	---ATG-CA-----C--TT-C---AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA	
23	BNL5	2h	--TATG-G-----T-A---AGC--C-----C-GGC--CTTAA	
25	BNL6	2i	---ATG--G-----T-G---AGC--C--C--T-GGC--CTC-A	
215	NZL1	3a	---GT-C-T-----C--C--TT-C--TAGC-----T-----C-A	
216	HCV-TR	3b	--TGTGC-T-----C--C--T---TGG---C-----C-A	
217	NE48	3c	---ATAC-----C--TT-G---AGC--C--A-----T-----C-A	
218	NE274	3d	---GTGC-----C--C--T---GGC-----C-----T-----CC-	
219	NE145	3e	---ATGC-----C--T-A---AGC--C--A--A--T-----A	
220	NE125	3f	---ATAC-T-----C--C--T---AGC--C--C-----T-----T-A	
221	Z4	4a	--T--A-----T--G--T--C-----A--C--T--A--T--A	
222	Z1	4b	--T--T-----A-C--C--A-----A--A	
223	GB358	4c	--T--A-----C-----G-----C--A-----A-C-A	
224	DK13	4d	-----T-----C-----G-----C--A--C--T--AA-C-A	
225	GB809	4e	--T--A-----C--C-----G--TG---C--A-----A-C-A	
29	BNL7	4k	---T-T-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
31	BNL8	4k	-----C-----G-----C--A--T--T-----C-A	
33	BNL9	4k	--T--TA-----C--C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
35	BNL10	4k	-----T-----C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
37	BNL11	4k	-----T-----C-----G--T--A--C--A-----TT-----C-A	
39	BNL12	4l	-----C--C-----G-----C--C--A-----T--T--C-A	
226	BE95	5a	--T--T--T-----A-----TTCC--A--C--T-----A-A	
227	HK2	6a	-----TC----A-----C-----C--C--C--CTG-----A	
228	FR1	<u>9a</u> 7a	-----TC-T-----C---T-G---AAC--C--C--T-TT-----A	
43	VN4	<u>7c</u> 8a	-----TC-----C--C-----C---AGC--C--C--T--T-----A	
47	VN12	<u>7d</u> 9a	--T--TC-A-----C-----C--TAGC--C-----T-----AA	
51	NE98	10a	---ATG--A--T--C--C---AG---GGT-----C-----T-----C-G	

14/74

Fig. 1N

SEQ ID	NO	651	700
208	HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGGTGCGTCCCTTGCGTTTCGTGAGGGCA
209	HCV-J	1b	G--CATG---A-----C--C-----G--C-----C--G---A-T-
210	HC-G9	1c	GA-CCTG---A-----TCTG--C-----T--G--C-A---A--C-----
3	BNL1	1d	--G-ATG---A-----TAC--A-----G--C-----G---AT-
7	BNL2	1d	T-G-ATG---T-----G-C--A-----T--G--C-----G---AA--
11	FR2	1f	G--CAT-----T-----G--T-----N--G--C---A-A--G--A----
211	HC-J6	2a	G-C---TG---C---GTC--C-----G---AGAAA-T---G-
212	HC-J8	2b	T--C--AG-T--C--TCT--T--A-----A--T-AGAA---TAATG
213	S83	2c	A-GA--AG-G--T--T-----T--A-----T-AG---ACC-C--
214	NE92	2d	G-----TG-T--T---GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----
15	BNL3	2e	G--C--GG-G--T--TGT--T--A--T-----C---AGAA-AGCTC-G
17	FR4	2f	G--C--GG-G--C--TGT--T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-
19	BNL4	2g	G-GC--GG-G--T--TGT--T--A--T-----G--T-AGTTGC-----
23	BNL5	2h	G-----TG-G--T---TGT--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA-
25	BNL6	2i	G--G--G---T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--
215	NZL1	3a	T----T---T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C----
216	HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAAACC---
217	NE48	3c	-C---T---T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-
218	NE274	3d	T--A-T---T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA-----
219	NE145	3e	A---TG-----TG--T--T-----T--C-----G-AGA-C----
220	NE125	3f	TA--T-----TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-
221	Z4	4a	-C--CA-----A---TTG-----A--C--T--GATGACT--G-
222	Z1	4b	GC-CCA---A-----TTG--A-----T-----C--T--G--GAC--AG-
223	GB358	4c	GC-CCA-----A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-
224	DK13	4d	TT-CCA---T-A---CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-
225	GB809	4e	-A--CA---T-A---CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-
29	BNL7	4k	-C--CA---T-----CTC--A--T-----G--C-----GA-A-----G-
31	BNL8	4k	-C-CCA---T-----CT--A--T-----G--C-----GA-AACT--G-
33	BNL9	4k	-C--CA---T-----TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T--G-
35	BNL10	4k	-C--CA---T-AGCACT--A--T-----G--C-----GA-A-T--G-
37	BNL11	4k	-C--CA---T-----CT--A--A-----G--C-----GAAA-----A-
39	BNL12	4l	-C--CA---T-A---CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-
226	BE95	5a	TA-CCTG-----A--G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-
227	HK2	6a	T-C-ATG---T-----TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG
228	FR1	<u>9a</u> 7a	GACCATG--A-----TCT--A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-
43	VN4	<u>7c</u> 8a	GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--
47	VN12	<u>7d</u> 9a	T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC-----
51	NE98	10a	G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT----

15/74

Fig. 10

SEQ ID	NO	701	750
208	HCV-1	1a	ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT
209	HCV-J	1b	-TTT---CC-T--C-----A---C-C--T--C---C-C--GG-----A-C
210	HC-G9	1c	-----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----
3	BNL1	1d	--CATCTCC-C--C---A-----C-C-----C---C-T--GGT--AAA-Y
7	BNL2	1d	--T-T--TC-T--C---A--C-RC-C-----C---C-T--GGT--AA--C
11	FR2	1f	-TAT---CC-T--C-----AC--C-C-----C---C-C--AG-GC--ATC
211	HC-J6	2a	-TA-A--TC----C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G
212	HC-J8	2b	G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AAC-C
213	S83	2c	---T---TC-A-----C--G-TG---C-ATC-C---TA--TC-A
214	NE92	2d	--ATA--CC-C-----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A
15	BNL3	2e	GTCGG-TCCAC-----A-CC-----CT-G--C-ACA-A--GTG--CA-A
17	FR4	2f	-TAGGA-CTTC-----ACA--G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA
19	BNL4	2g	-TAAG--CC---C---A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG-ACC-G
23	BNL5	2h	-TCAG--TC-C--C---A-AC-TG---A--C-AT-----GTG--CC-A
25	BNL6	2i	--A----CC-C--C---A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A
215	NZL1	3a	-TA-A--T-C---C---ACCC-AG---A-----A-----AGT----T-C
216	HCV-TR	3b	--CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC
217	NE48	3c	--A--A--C--C---A-AC--G---T--G--A-----GGT---TC-C
218	NE274	3d	--T-----CAA--C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C
219	NE145	3e	--A-A--GA--C---ACCC--GC---A--A-----AGT---AT-C
220	NE125	3f	--CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--
221	Z4	4a	--A-A--C-T--C---AC-C--G---G-----A-----TGT-GCAC-C
222	Z1	4b	-TA-T--TC-C--C-----C-CT-----C--T-----G-GCCCT--
223	GB358	4c	-TCAG--AC-C--C-----CC-C--T--C--C-----GG-GCCTT-C
224	DK13	4d	--AAG--T-CA--C-----T-TC-C-----C--C-----TG-GCAAC--
225	GB809	4e	--CAG--C-----CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C
29	BNL7	4k	-TCAG--AC-T--C-----A--CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
31	BNL8	4k	-TCAG--AC-T--C-----CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C
33	BNL9	4k	-TCAG-----T--C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C
35	BNL10	4k	--CAG--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
37	BNL11	4k	-TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
39	BNL12	4l	--A-T--C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCATA
226	BE95	5a	-T-TGAGT--A--C-----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC
227	HK2	6a	-TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C--CC-----TACCAA--
228	FR1	<u>9a</u> 7a	-T-AG--AC-A-----C-CC-TG-CT----C--CT-A---GT-CCCA-C
43	VN4	<u>7c</u> 8a	-TCAA--CC-----C-----CA-GCCT----G--CC----AGTGCC-A-C
47	VN12	<u>7d</u> 9a	--CTGA-C-A-----C--T--GCCT----G--AT----GGTGCA-A--
51	NE98	10a	-TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG

16/74

Fig. 1P

SEQ ID			751	800
NO				
208	HCV-1	1a	GGCAAACCTCCCCGCGACGACGCTTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTGCGG	
209	HCV-J	1b	A---GCA-----A-C---ACAA-A-----C---G-----T---C---T---	
210	HC-G9	1c	TCGCGCG-----TC-GTG--G-----G-----GTG---CTC-A-----	
3	BNL1	1d	-CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G---CT-----T---	
7	BNL2	1d	-CT--TG----TA-TG--GCAA-C-----C--TG---CT----G--T---	
11	FR2	1f	-CG--CGCT--ATCGATG--G-G--G-----G---C--C--C--G---	
211	HC-J6	2a	CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G----GAT	
212	HC-J8	2b	C--GGTGCG-T-A-TCGTAGC--G---ACA---G-----CA--A-C--AAT	
213	S83	2c	CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G---GCA-----A-CA-C--GAT	
214	NE92	2d	CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T---ACCA-CA-T-C	
15	BNL3	2e	CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G---T---GCCG-C--GAT	
17	FR4	2f	CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC-----T---ACCA-C--GAT	
19	BNL4	2g	CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C--GAT	
23	BNL5	2h	CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C--T-C	
25	BNL6	2i	CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA-----C	
215	NZL1	3a	-T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA---TG-G--C--AT-A--A--	
216	HCV-TR	3b	CTTGGCG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G---A---G--A--	
217	NE48	3c	-T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G---G-G-----G--G--	
218	NE274	3d	-CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA---TG-G-----G--G--	
219	NE145	3e	-CTGGTGCAA-GA--G-TTCCG-A--CG-A---G-G---T---A-----	
220	NE125	3f	CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G--	
221	Z4	4a	CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--	
222	Z1	4b	CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G--	
223	GB358	4c	AT-GGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA---TG-G-----A-G--A--	
224	DK13	4d	CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G--	
225	GB809	4e	-T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C---A-G--A--	
29	BNL7	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA---TG-G--CT--A-G--G--	
31	BNL8	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCT--G--GA---TG-G-----A-G--G--	
33	BNL9	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCCT-G--GA---TG-G-----A-G--G--	
35	BNL10	4k	AC-GCGGCG--GCTTGA-TCC--G--GA---TG-G-----A-G--G--	
37	BNL11	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA---TG-G---G--A-G--G--	
39	BNL12	4l	CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G--	
226	BE95	5a	CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--	
227	HK2	6a	-CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T---CG--	
228	FR1	9a7a	TCATC-G-G--AATCCACGG-T----C--A---G-A--C--C--C--T--	
43	VN4	7c8a	-CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAAA--TG-G--CA-CA-G--G--	
47	VN12	7d9a	-CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG---G-G--C--CT-G--G--	
51	NE98	10a	CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG---G-G---A--A-G--G--	

17/74

Fig. 1Q

SEQ ID	NO	801	850
208	HCV-1	1a	GAGCGCCACCCTCTGTTCGGCCCTCTACGTGGGGGACCTATGCGGGTCTG
209	HCV-J	1b	-GCG--TG-T-----C--TA-G-----T-----T--C-----A--C-
210	HC-G9	1c	-GC---TG-GT-----TA-G--T--A-----C-----C--CA
3	BNL1	1d	-G-NN---GT-----C--TA-G-----R-----T-----
7	BNL2	1d	--CA--G-GT-TC---C--TA-G-----C-----A--C-
11	FR2	1f	-GCA--GTGT---C--A--A-G--A-T-----T--T---GGC-
211	HC-J6	2a	-TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-
212	HC-J8	2b	-GCA--T--GGC---C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-
213	S83	2c	-TCT--T--GG-----T-----T--T-----G-G--T--CG-GC
214	NE92	2d	ATC---T--GT-T--C--T-----G--A-A--A-----G--T--CG-G-
15	BNL3	2e	-TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-
17	FR4	2f	-TC-----C--T-----A--A-A-----CG--
19	BNL4	2g	-GT---T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-
23	BNL5	2h	-TCT--T--G---C--A--TT-G--T-----C--T-C-----CG-A-
25	BNL6	2i	-TC-----GT---C--T--T-G--T-----
215	NZL1	3a	CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T--G---
216	HCV-TR	3b	CGCACGACAA--G-----G--G-----C-----GCT-T---G---
217	NE48	3c	T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----T-----G-A-
218	NE274	3d	AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-
219	NE145	3e	C--T-----T--G--C--C--G-----T--C--T-----T-----G-C-
220	NE125	3f	TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G---
221	Z4	4a	CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--
222	Z1	4b	TGCG--T--TA-G-----C---T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-
223	GB358	4c	TGC---T--TGCG--C--C--T--T---A-C--A-----G-----TGGC-
224	DK13	4d	CG-----T-----C--C-----A-C--A--G-G--T--GG--
225	GB809	4e	TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT
29	BNL7	4k	-GC-----TG-T-----A-----T--A-C-----TT-R--T--YGGCT
31	BNL8	4k	-GCT-----TG-T--C--A-----T--A-C-----TT-G--T--CGGCT
33	BNL9	4k	-GCG-----TG-----A-----T--A-C-----TT-G--T--CGG--
35	BNL10	4k	AGCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----YT-G--T--CGGCT
37	BNL11	4k	-GCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----T--G-----TGGCT
39	BNL12	4l	TGCA--T-----A-CG--T-----T--A-----C-----GG--
226	BE95	5a	AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A--GCG--T--G-AC
227	HK2	6a	CGC---AGTGG-T--C--AT---G--A-C-----G--T--C---C
228	FR1	9a7a	-GCA--GG-AT-T-----A-G--A-C--A-----C--T--TAGCA
43	VN4	7c8a	CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC
47	VN12	7a9a	TGCT--TG-GT---C--T---A-G-----C---T-----TGGGC
51	NE98	10a	RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC

18/74

Fig. 1R

SEQ ID	NO	851	900
208	HCV-1	1a	TCTTTCTTGTCTGGCCAACTGTTTCACCTTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG
209	HCV-J	1b	-T-----C---TC-----G-----A--TC-C--GT-TGA----
210	HC-G9	1c	----C-----T-----GA-C-----A---T-----
3	BNL1	1d	----C--C-CT-----G--A-----T--A--C-CATG--CAT--A
7	BNL2	1d	----C-----G--A-----T--A--C-CTTGT--CAT--A
11	FR2	1f	----C--C--T--G--T-----A-GT--C---G--T-----
211	HC-J6	2a	-GA-G----CA-C---GA-----TTG----G--ACA--A-----TTT
212	HC-J8	2b	-GA-GA--C-ATCG--GGCT---TGG-A--A--ACAA-----AACTTC
213	S83	2c	-GA-G--G-C--CT--GG-CG--GT-G-G--G--ACAA-A--TAC-TTT
214	NE92	2d	-GA-GT-G-CTTCT--G-C---T-A---G---CA--AT--TAA-TTT
15	BNL3	2e	-GA-GA-A-CT-CA--GGCT---T-G-GG-A--G-A-----T-ACTTC
17	FR4	2f	-GA-GA-A-CA-CG--G-TGC-GT-G---A--GCAATA--TACTTTT
19	BNL4	2g	-GA-GA-A-CT-CT--GG-TG---TTG---G--GCAA-AT--AACTTT
23	BNL5	2h	-GA-GT-G---TCT---T-T---TGA---C--TCA--A---ATCTTC
215	NZL1	3a	-----C--G--A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA---
216	HCV-TR	3b	-G-----G--A---GC-----AGA--TC-C-----AC---C
217	NE48	3c	-T--C--C--A--A--GCA-----A--AGA--C-A-----CA---A
218	NE274	3d	---CT-G--G--A--GGCT-----AGA--TC-T-AG---AAC---
219	NE145	3e	---C-----G--G--GGCC--T--A---AGG--TC-T--T--TAC---T
220	NE125	3f	-T--C-----G-----GC-----T--AGAG-TC--AA--T-AT--C
221	Z4	4a	C---C--GA-G--G--GA--A---T--TCGG--GC-T-----C
222	Z1	4b	---C--A--G-----G-----GA---CGA--GC-C--G-----C
223	GB358	4c	-A--T-G--T--T--GA-----T-T--CAG--GC-----T
224	DK13	4d	-G--CT-G-----T-----CAA--TC-C-----C
225	GB809	4e	-A--CT-G--A-----A-----CAA--GC-A-----
29	BNL7	4k	-G--C--A-----T--GA-----T-T--CGA--A-----T
31	BNL8	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----TT-T--CGA--AC-A-----T
33	BNL9	4k	CG--CT-G--T--T--GA-----T-T--CGA--AC-----C
35	BNL10	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----T-T--YCAG--TC-----T
37	BNL11	4k	-G--C--G--T--T--GA-----T-T--CGA--AC-----T
39	BNL12	4l	C---C--A--G--G--GA-----CAG--GC-T-----T
226	BE95	5a	-A--CT-G--A-----A-----ATAGG--TC-C-AG---GCT---
227	HK2	6a	----T-G-CG--A-----A-----TCAG--C-C--T--T-----T
228	FR1	9a7a	-AA-CT-G--A--G--G--T--T--T---AGG--T-A-TA---TCA-GTT
43	VN4	7c8a	-T--C--C--T--A--G--C-----GC--AGG--TC--ATG--TCA-GTT
47	VN12	7d9a	-----C--T--G--GT-----G---AGA-----ATGT-TGA--TC
51	NE98	10a	-A-----Y--G--GGG----T-A-GGAGA-ATC-C-AG--T-----T

19/74

Fig. 1S

SEQ ID		901	950
NO			
208	HCV-1	1a	ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG
209	HCV-J	1b	GTA---A-----A-----CG--T-A-----
210	HC-G9	1c	-----AC-----C-----C--A-----G-G--A-----T--
3	BNL1	1d	-----G-AG-----C-----A---
7	BNL2	1d	--A--G-AG-----C-----A---
11	FR2	1f	GT---G-AC--T-----T--C--T--CT-T-----C-----C-----
211	HC-J6	2a	GT-----AC-----C-----C--T--TACC--C--T--A-----
212	HC-J8	2b	--C-----AG-----C--T--C-----C-AA--T--C--C--C--C--T--
213	S83	2c	GTC--G-AA-----C--T--C--A--C--G---GC--T-----A-----
214	NE92	2d	GTC--G-AC-----C--T--C--A--C--A-----C--C--T--A--T--
15	BNL3	2e	GTC--G-AA-----C--A--C--A-----C--T--A-----T--
17	FR4	2f	GTC--G-AA-----C-----C--A--C--A-----C--A--A--T--
19	BNL4	2g	T-C--G-A-----T--C---
23	BNL5	2h	GTC--G-A-----C-----G--A
215	NZL1	3a	GTC--GACC--T--C-----GC-G--C--A-----C--TT-A--A--T--
216	HCV-TR	3b	GT--GACG-----C-----G--A--C--A-----G--TT-A--A--T--
217	NE48	3c	GTT--GCA-----C-----AC-G--C--A--T--G--TT-A-----T--
218	NE274	3d	GT--GACC-----AC-G--C--T--T--C--T--A--A--A--
219	NE145	3e	GTC--GACC-----C-----GT-G--C--A-----C--A--A--T--
220	NE125	3f	GTC--GTTG-----AC-A--C--A--A--C--T--A--A--T--A
221	Z4	4a	-----G-AG-----T--C-----CA-T-----C--C--C--A--
222	Z1	4b	--C--G-A-----C-----C-----T--T--CG-CT---C--A--
223	GB358	4c	-----G-AC-----T--C-----CG-G--G--CG-T-----C--A--
224	DK13	4d	--C-----AC-----T--C-----CA-A--A-----C--A--A--A--
225	GB809	4e	--C--G-AC--T-----T--C-----CG-A--G-----T-----C--T--
29	BNL7	4k	--T-----A-----T--C---
31	BNL8	4k	G-C--G-A-----T-----
33	BNL9	4k	--C-----A-----C-----C---
35	BNL10	4k	--C--G-A-----T--C---
37	BNL11	4k	--C--G-AA-----T--C---
39	BNL12	4l	GTC---AC-----C--T--C---
226	BE95	5a	GT---GAAC-----C--T--C--T--CAGT-----G-T--C--C-----
227	HK2	6a	GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C--C--C--A--
228	FR1	<u>9a</u> 7a	--C--G-A--T--C-----NA-CN-T-----CG-C-----A--A--
43	VN4	<u>7c</u> 8a	GTC--G-AG--T--C--T--C-----CA-A--G-----C--T--A-----
47	VN12	<u>7d</u> 9a	G-C--G-AC-----C--T--C-----G-A-----C--C--T--G-----
51	NE98	10a	GTC--G-AC-----C--T--C---

20/74

Fig. 1T

SEQ ID	NO	951	957
	208	HCV-1	1a CATGGCA
	209	HCV-J	1b -----T
	210	HC-G9	1c A-----T
	11	FR2	1f NNNNNNN
	211	HC-J6	2a -----G
	212	HC-J8	2b -----
	213	S83	2c -----T
	214	NE92	2d G-----G
	15	BNL3	2e -----G
	17	FR4	2f A----NN
	215	NZL1	3a A-----T
	216	HCV-TR	3b T-----G
	217	NE48	3c G-----T
	218	NE274	3d G-----T
	219	NE145	3e -----
	220	NE125	3f T-----T
	221	Z4	4a G-----G
	222	Z1	4b G-----C
	223	GB358	4c G-----
	224	DK13	4d A-----T
	225	GB809	4e G-----T
	226	BE95	5a G-----
	227	HK2	6a G-----T
	228	FR1	<u>9a</u> 7a G-----
	43	VN4	<u>7c</u> 8a A-----
	47	VN12	<u>7d</u> 9a G-----G

21/74

Fig. 2A

SEQ ID	NO		1	50
229	HCV1	1a	MSTNPKPQKKNKRNTRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	
230	HCV-J	1b	-----R-T-----	
2	BNL1	1d	-----R-T-----XXXXX-----X-----	
6	BNL2	1d	-----R-T-----X-----	
10	CAM1078	1e	-----R-T-----V-----A-----	
12	FR2	1f	-----R-T-----	
231	HCJ6	2a	-----R-T-----	
232	HCJ8	2b	-----R-T-----	
233	CH610	2c	-----R-T-----	
234	NE92	2d	-----R-T-----	
14	BNL3	2e	-----R-T-----	
18	FR4	2f	-----R-T-----P-----	
235	HCVTR	3b	---L---RQT---L---N-----V-----V-----	
236	DK13	4d	-----R-T-----M-----	
237	CAM600	4e	-----R-T-----M-----	
238	GB809	4e	-----L-R-T-----M-----	
28	BNL7	4k	-----R-T-----M-----	
239	BE95	5a	-----R-T-----M-----	
240	HK2	6a	---L---R-T-----T-----	
42	FR1	<u>9a</u> 7a	---L---R-T-----M-----	
44	VN4	<u>7c</u> 8a	---L---R-T-----I-----	
46	VN13	<u>7a</u> 8b	---L---R-T-----	
48	VN12	<u>7d</u> 9a	---L---R-T-----M-----	
50	NE98	10a	---L---R-T-----X-----V-----Q-----V-----	

22/74

Fig. 2B

SEQ ID	NO		51	100
229	HCV1	1a	KTSEERSQPRGRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP	
230	HCV-J	1b	-----M-----	
2	BNL1	1d	-----X-X--S-----X-----	
6	BNL2	1d	-----D-----QSD-XX-----H-----	
10	CAM1078	1e	-----E-----	
12	FR2	1f	-----S-----A-----	
231	HCVJ6	2a	-----D--ST-KS-GK-----L-----	
232	HCVJ8	2b	-----D--ST-KS-GK-----	
233	CH610	2c	-----D--TT-KS-GR-----L-----	
234	NE92	2d	-----D--T-KS-GK-----L-----	
14	BNL3	2e	-----D-XAT--S-GR-----L-----	
18	FR4	2f	-----D--AT-KS-GR-----L-----	
235	HCVTR	3b	-----KQ-HL-----SR--S-----K--L-----	
236	DK13	4d	-----QL--S-----	
237	CAM600	4e	-----T--S-----	
238	GB809	4e	-----S--S-----	
28	BNL7	4k	-----S--S-----X-----	
239	BE95	5a	-----Q-T--S-G-----A--L-----	
240	HK2	6a	-----Q-Q--H-----	
42	FR1	<u>9a</u> 7a	-----V-Q-T--S-G-----	
44	VN4	<u>7c</u> 8a	-----V-HQT-----	
46	VN13	<u>7a</u> 8b	-----V-HQT-----	
48	VN12	<u>7d</u> 9a	-----A-----V-QNQ-----	
50	NE98	10a	-----S-----R--T--S-----	

23/74

Fig. 2C

SEQ ID	NO		101	150
229	HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA	
230	HCV-J	1b	-----	
2	BNL1	1d	-----N---	
6	BNL2	1d	-----	
12	FR2	1f	-----N-----S-T	
231	HC-J6	2a	-----N--H--V-----V-----V---	
232	HC-J8	2b	-----T-----H-----R-----I-----V--V--V---	
233	CH610	2c	-----H-----V--V--V---	
234	NE92	2d	-----H-----V--V--V---	
14	BNL3	2e	-----XX-----X-V--V--X---	
18	FR4	2f	-----N--H-----X-----V--V--V---	
235	HCV-TR	3b	-----N-----F-----V--V---	
241	GB116	4c	-----V--V---	
236	DK13	4d	-----N-----V--V--V---	
237	CAM600	4e	-X--X--N--X-----V--V---	
238	GB809	4e	-----N-----V--V---	
242	G22	4f	-----V--V---	
243	GB549	4g	-----V--V---	
244	GB438	4h	-----V--V---	
28	BNL7	4k	-----N-----	
239	BE95	5a	-----N--N--K-----G-I--V---	
240	HK2	6a	-----H--N-----V-----V-A-	
42	FR1	<u>9a</u> 7a	-----N--N-----XXL-----VL-G----V-A-	
44	VN4	<u>7c</u> 8a	-----N--N-----V--X--V-X-	
46	VN13	<u>7a</u> 8b	X---N--N--X-----XX----IE--	
48	VN12	<u>7d</u> 9a	-----D-X-N--X-----E--V-----V-AE	
50	NE98	10a	-----N-----	

24/74

Fig. 2D

SEQ ID	NO		151	200
229	HCV1	1a	LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL	
230	HCV-J	1b	-----I-----E---VS-I	
2	BNL1	1d	-----XT-HE---AS-V	
6	BNL2	1d	-----F-----TT-HE---AS-V	
12	FR2	1f	-X-----XG--XXXXX--X--XX--X-----T---E-HST-DG	
231	HC-J6	2a	-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG	
232	HC-J8	2b	-----I-----V--V--VE---ISSS	
233	CH610	2c	-----I-----S-----IS-V--VE-K-TSTS	
234	NE92	2d	-----I-----I--V-GL--K-TSSS	
14	BNL3	2e	--X-----I--X-----X-----V--V-XVE-K-TSQA	
18	FR4	2f	-----I-----I--V--I--K-NSHF	
20	BNL4	2g	-----V--V--V--K-TSTM	
24	BNL5	2h	--I-----V--K-TSHS	
26	BNL6	2i	--I-----I--V--V--A-RS-S	
235	HCV-TR	3b	-----A-G-----F---C---GLEYT-TS--	
241	GB116	4c	-E---AV---I-----S-----T--VNY--AS-V	
236	DK13	4d	-----L-----NY---S-V	
237	CAM600	4e	-----AV---I-----T--VNY--AS-I	
238	GB809	4e	-----AV---I-----GVNY--AS-V	
242	G22	4f	-----AV---I-----VHYH-TS-I	
243	GB549	4g	-----AV---I-----QHY--IS-I	
244	GB438	4h	-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I	
30	BNL7	4k	--I-F-----INY--VS-I	
32	BNL8	4k	--I-----INY--TS-I	
34	BNL9	4k	--I-----INYH-TS-I	
245	BNL9	4k	--I-----I--X--X-----TNY--VS-I	
36	BNL10	4k	--I-----X-----TNY--VS-I	
38	BNL11	4l	--I-----I-----QHY--VS-I	
239	BE95	5a	-----I-----VPY--AS-I	
240	HK2	6a	-----AI---I-----T---LTYG--S--	
42	FR1	<u>9a7a</u>	-----AI-----T---I--K-AS-I	
44	VN4	<u>7c8a</u>	-----XXI--X-----X--XX-X--X-----T---AHYT-KS--	
48	VN12	<u>7d9a</u>	-X---AI---I-----X-----T---LNYA-KS--	
52	NE98	10a	--I-F-----F---LT-TAGLEY--AS--	

25/74

Fig. 2E

SEQ ID	NO		201	250
229	HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD	
230	HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N	
2	BNL1	1d	-----S---I---MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX	
6	BNL2	1d	--L---S---I---MSGM---A-----N-S---MXL---L-VK-	
12	FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I---I-----PL---L-A-I	
231	HC-J6	2a	-M-----T-D--TWQLQA-V--V-----EKV--T---IPVS-N--VQQ	
232	HC-J8	2b	-YA---S-N--TWQLT--V--L-----ENDNGTLH--IQV--N--VKH	
233	CH610	2c	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q	
234	NE92	2d	-M-----Q---WQLR--V--V-----EEK--I---IPVS-NI-VSQ	
14	BNL3	2e	-MA---S-N--WQLX--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK	
18	FR4	2f	-MA---A-D--WQLR--V--V-----E-S--RTF--T-VS-N--VSR	
20	BNL4	2g	-MA---S-N--IWQMQG-V--V-----ELQ--K---IPV--N--VNQ	
24	BNL5	2h	-M-----S-----WQLK--V--V-----E-HQ-Q---IPV--N--VSQ	
26	BNL6	2i	-M-----S-----WQLEE-V--V-----EWKD-T---IPV--NI-VSQ	
235	HCVTR	3b	-VL---S-G-----E-V---L-----TT--Q-S--TTVST---V-T	
241	GB116	4c	--I-----DYH---L---L---V--Q-----L---APY	
236	DK13	4d	-----TDYH---L-----K-T---SL---AQH	
237	CAM600	4e	--I---A---TENH---L-----T--Q-----L---SPY	
238	GB809	4e	--I---A---TDNH---L-----KT--Q-----L---SPY	
242	G22	4f	--L-----F--VHH---L-----T--Q-----L---L-APY	
243	GB549	4g	-----DHH-M-L-----T--T---PL---APY	
244	GB438	4h	-----DHH-M-L-----T--V---IPL---VPY	
30	BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L---APY	
32	BNL8	4k	-----DHH---L-----T--Q-----L---APY	
34	BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V--Q-S---L---I-APY	
245	BNL9	4k	-----DHH--AL-----V--Q-----L---APY	
36	BNL10	4k	-----F--DHH---L-----K--H-----L---APY	
38	BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT--T---L---API	
246	GB724	4x	--I-----V---TDHH---L-----T--V---TPV---AVS	
239	BE95	5a	-----DNL---A-----MT--V-----QI---LSAPS	
240	HK2	6a	--L-----L--DAM---L---L---VDDR-T--H-V---L-IPN	
42	FR1	<u>9a</u> 7a	--L---S-N---F--ETM---L-----IKA--E---LPVS--L-VPN	
44	VN4	<u>7c</u> 8a	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN	
48	VN12	<u>7d</u> 9a	--L-----NGM---L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN	
52	NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S--T---IPVSX---VKS	

26/74

Fig. 2F

SEQ ID	NO		251	300
229	HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLGSGVFLVGQLFTFSPRRHWT	
230	HCV-J	1b	SSI-T-TI---V-----A-A-----M-----S-----YE-	
2	BNL1	1d	ASV-TXAI---V-----XX-F---M--X-----A-----M-H-	
6	BNL2	1d	ANV-TAAI---V-----T-AFR--M-----LYH-	
12	FR2	1f	ANA-IDEV---V-----A-VF---M-I-----G-----TS-----	
231	HC-J6	2a	PGALTQG--T---MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F	
232	HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA--A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF	
233	CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
234	NE92	2d	PGALTKG--T---TIIA---F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF	
14	BNL3	2e	PGALTKG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
18	FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF	
20	BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF	
24	BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A---V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF	
26	BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A---F-----	
235	HCVTR	3b	LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A---R---T-	
241	GB116	4c	VGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----G-----M-S-Q-----	
236	DK13	4d	LNA-LES---V--M--G-----I--V--G-----Q-----	
237	CAM600	4e	AGA-LEP---V--M--A--M-----I-----GL-----M--Q-----	
238	GB809	4e	VGA-LEP---V--M--A--V-----GL-----M--Q-----	
242	G22	4f	LGA-LESM---V--M--T-----GI--A--M--R--L---	
243	GB549	4g	VGA-LESM---V--M--A--V-----I-----G-----M--R-----	
244	GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V--M--A-----I--H--G--A--MVS-Q-----	
30	BNL7	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----	
32	BNL8	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
34	BNL9	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GA-----M-S-R-----	
245	BNL9	4k	TAA-LES--S-V--M--A--V-----I-X--GL-----M-SXQ-----	
36	BNL10	4k	IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
38	BNL11	4l	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M--Q-----	
246	GB724	4x	VDA-LESF---V--M--A-----V-----GA-----M--Q-----	
239	BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-	
240	HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----	
42	FR1	<u>9a7a</u>	SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV	
44	VN4	<u>7c8a</u>	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV	
48	VN12	<u>7d9a</u>	ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-----GL-----R--MYEI	
52	NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q---	

27/74

Fig. 2G

SEQ ID	NO		301	319
229	HCV-1	1a	TQGCNCSIYPGHITGHRMA	
230	HCV-J	1b	V-D-----VS-----	
2	BNL1	1d	--E-----	
6	BNL2	1d	--E-----	
12	FR2	1f	V-D-----S-----XXX	
231	HC-J6	2a	V-D-----T-----	
232	HC-J8	2b	--E-----Q-----	
233	CH610	2c	V-E-----X	
234	NE92	2d	V-D-----	
14	BNL3	2e	V-E-----	
18	FR4	2f	V-E-----X	
20	BNL4	2g	S-D-----	
24	BNL5	2h	V-D-----	
235	HCVTR	3b	V-T-----VS-----	
241	GB116	4c	--D-----A--V-----	
236	DK13	4d	--D-----T-----	
237	CAM600	4e	--D-----T-----	
238	GB809	4e	--D-----A-----	
242	G22	4f	--E-----T-----	
243	GB549	4g	--D-----D-----	
244	GB438	4h	--D-----V-----	
30	BNL7	4k	--D-----	
32	BNL8	4k	A-D-----	
34	BNL9	4k	--D-----	
245	BNL9	4k	--D-----	
36	BNL10	4k	--E-----	
38	BNL11	4l	V-D-----	
246	GB724	4x	--D-----T-----	
239	BE95	5a	V-N-----S--V-----	
240	HK2	6a	V-D-----T--V-----	
42	FR1	<u>9a</u> 7a	--D-----XNX--V-----	
44	VN4	<u>7c</u> 8a	V-E-----T-----	
48	VN12	<u>7d</u> 9a	A-D-----A-----	
52	NE98	10a	V-D-----	

28/74

Fig. 3A

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)
ATGAGCAGGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
NNNNNNCCGGGTGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGNNG
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTCAACAACCTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC
AAGGCTCGYCCGYCCGAGGGCAGGTCCCTGGGCTCAGCCCGGGTATCCTTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCGGGNTGGCTCCTGTCCCCCGGGCTCTCGGCCCPATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)
GACGGCGTGAACCTATGCPACAGGGAACCTGCCCCGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTGGCTTG
CTGTCTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCACGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC
ACCAACGACTGTTCCPACTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
TGCCTGCCCTGCGTTCCGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTACGTCGACTTGCTTGTGGGGGNNCC
ACGTTCTGTTCGCTATGTACGTGGGARGACCTTTGCGGGTCTGTCTTCTCGCTGGCCAGCTATTCT
ACCTTTTACCCCGCATGCACCATAACAACGCAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)
ATGAGCAGGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGNTCCCGGGTGGTGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAGCCTCGTGACAGGCGACAGCCTATTCTT
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGGGCTCTCGGCCCAAGTTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)
GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAATTTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTAGCTTTT
CTGTCTGCTTGACGGTTCCAACCTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
ACCAATGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTTGACGCCCCAGGG
TGTGTGCCCTGCGTTCCGGGAGAACAACTCTTCTCGTTGCTGGATGCCRCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAGACGCTAATGTCCCTACTGCGGCAATCCGACGCCATGTGCACTTGCTGGTTGGGACAGCC
GCGTTTCGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGTCTTCTTGTGGCCAGCTATTCT
ACCTTTTACCCCGCTTGTACCATAACAACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)
ATGAGCAGGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGGCGCAACCTATTCCC
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

29/74

Fig. 3B

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGCAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAATTCCTCCGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGGACGAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTCGCGGAAGGC
GACAGCCTATCCCAAGGCTCGCCGACCCGAGGGCAGGTCTGGGCTCAGCCTGGGTACC
CATGGCCCTCTATGCTAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCTCGCG
GCTCCCGTCTTAGCTGGGGCCCAATGACCCCCGACGTAGATCAGCAATTGGGTAAGG
TCATCGATACCCTAACGTGTGGCTTCGCGCATCTCATGGGGTACATTCGGCTCGTGGGCGC
CCCCCTAGGGGGCGCTTCCAGAACCCTGNCACATGGTGTCCGGGTCTGGNAGGCGGCGTGATNNN
NNNNNNNNNAACCTTCCNGGTTGCTCTTTNNCTATCTTCTCTTGGCNTTACTCTCTTGCCTCAC
AGTCCCCACCTCTGCTATGAGGTGCACAGCACAAACCGATGGCTACCATGTCACTAATGACTGTTT
CAACGGCAGCATCGTATATGAGGCAAGGACATCATCTTACACGCTGGGTGNGTGCCCTGCAT
ACGGGAAGGCAATATCTCCCGTGTGGGTACCGCTACCCCCACGCTCGCAGCGCGGATCGCGAA
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACTGCGACCTCTCGTGGGGCAGCGGTGTTCTGCTCAGC
CATGTACATTGGGGACCTTTGTGGGGCGCTCTTCTCGTTGGGCAATTGTTACCTTACGTTCCCG
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTACTCTGGCCACATAACGGGCCACCGNN
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAPACCAPAAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGNGGCCACTGGCAGGTCCTGGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCTGTATGGGAAC
GAGGGGCTCGGCTGGGCAGGATGGCTCCTGTCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)
ACGTGCGGNTNTGCCGACCTCATGGGTACATNCCCGTTGTGCGCGCCCCGGTGGGCGGGGTNGC
CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGGGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
TGGTTGCTCCTTTCTATCTTCTNGTTGGCTCTTCTGTCTTGTGTACCGTGCCTGTCTCTGNCGT
TGAGGTCAAAATACAGTCAAGCCCTATATGGCAACCAACGACTGCTCCAACAACAGCATCGTATG
GCAATTGGNGGACGCGGTGCTTATGTTCTGGATGTGTCCTCGGAGAAATAGCTCCGGTGGGT
CCACTGTTGGATCCCGATCTCGCCCAACATAGCCGTGAGCAACCTGGTGTCTCACCAGGGAAGT
GCGGGCACGCATTGATGCCGTGCTGATGTCCGCCACCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT
GTGCGGCGCAGTGTATGATAGCTGCACAGGCTTTCATCGTGGCACCGAAGCGCCATTACTTCTCTCA
GGAATGCAATTGCTCCATATACCCAGGCCACATTACAGGTATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAACTAAAAGAAACACTAACCCTCGCCACAGGAC
GTTAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAG
GTTGGGTGTGCGCGGCCAAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCC
ATCCCAAAAGATCGGCGCGCCACTGGCAAGTCTTGGGACGTCCAGGATACCTTGGCCCCCTGT
ACGGGAACGAGGGCTCGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCGGGGCTCTGCCCCCTCGT
GGGCCAAACGACCCCCGGCACAGGTACGCAACTTGGGTAAAGTTCATCGATAACCTCACGTG
TGGCTTTGSCGACCTCATGGGTACATACTGTCTCGGCGCCCCCTGTGGGCGGCGTTGCCAGA
GCCCTCGCGCATGGCGTGGCGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGCAACAGGGAACCTTGGCCGT
TGCTCTTTTCTATCTTCTTGTGCTCTCTTGTCTTGTATCACCGTGCCCGTGTCTGCCATACAG
GTTAAGAACACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTGCCAATGACAGCATCGTCTGGCAG
CTCAGGGACGCGGTGCTCCATGTTCTGTGATGTGTCCTGATGTGTCCTGTGAGAGGTGAGTAATAGGACCTT
TGTGAGACGCGGTCTCGCCCAACGTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGTCTCACTAGAGGTCTGCGG
GCTCATTGATACCATCGTGTGTCGCCACCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC
GGCGTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTGCTCACCGCAATACCATACTTTGTCCAGGAA
TGCACTGCTCCATATACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGGNN

30/74

Fig. 3C

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)
GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAATCTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTGTGGCTCTT
CTGTCTTGTGTACCGGTGCTGTCTGCGGTGCAAGTTAAGAACACCAGTACCATGTACATGGCA
ACCAATGACTGTTCACAACAGCATCATCTGGCAATGCAGGGCGCGGTGCTTCAITGTTCCGTGA
TGTGTCCCGTGTGAGTTGCAGGGCAATAAGTCCCGTGTGGATACCGGTCACTCCCAACGTGGCT
GTGAACAGCCCCGCGCCCTCACTAGGGGCTTGGCGACGCACATTGACACCATCGTGATGGTCGCT
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGTTGTC
ATTGTCTCGCCGCAACATCACAACCTTTCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAGTTCGGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCCGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAACTTCCGAACGGTCCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGCCCCATCCCT
AAGATCGGGCGCTCCACTGGCAATCCTGGGGACGTCCAGGATAACCCTTGGCCCCGTGTATGGGAAC
GAGGGCCTTGGTTGGGCAGGATGGCTCTTGTCCCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)
GACGGGATAAACTACGCAACAGGGAATCTGCCCCGTTGCTCCTTTCTATCTTCTTGTGCGCCTTG
CTATCCTGTCTCACTGTGCGCGGTCCGCTGTGCAGGTCAAGAACACCAGCCACTCTTATATGGTG
ACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTACGTCCTGGA
TGTGTCCATGTGAGAGGCACCAAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAATGTGGCC
GTGAGCCAACTGGCGCGCTCACCAGGGGTTTGGCGACGCACATTGACACCATCGTTGCGTCTGCT
ACCGTCTGCTCAGCTTTGTATGTGGGCGACTTCTGCGGCGCAGTGATGTTGGTCTCTCAATTTTTC
ATGATCTCCCCCTCAGCACCATCTTCTGTCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)
GACGGGATAAACTATGCAACAGGGAACCTGCCTGGTTGCTCCTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTG
CTTTCTTGTGATCACCCTGCGGTCTCTGCGGTGCAAGTTGCGAACCAGTGGTTCTTACATGGTG
ACCAATGATTGCTCGAACAGCAGCATCGTTTGGCAGCTCGAGGAGGCGCTCCTTACGTCCTTGGGA
TGTGTTCCCTGTGAGTGGAGGACAAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTCACCCCTAACATCGCT
GTGAGCCAACTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTGTGCGCTCCGCC
ACGTTCTGCTCTGCCCTGTATGTGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCCATGGACGTT
AAGTTCGGGGTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACTCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC
AAGGCGCGTCTGATCCGAGGGAAGGTCCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCTCTTTACGGTAAT
GAGGTTGCGGGTGGGCANNATGGCTCTTGTCCCCCGCGGTTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)
GACGGGATCAATTTTGCAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTGTGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTCGGGCATTACTATGTC
ACCAATGATTGCCCGAATTCAAGCATAGTGATAGGCGGACCATCACATCTTGCACCTCCAGGT
TGGCTGCCCTGCGTGAGAGAGGGGARTCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTTACCCCTACCGTCCGA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGACTTGATGTTGGGGCCGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTTGTGTGGYGGCTTGTTCCTAGTCGCTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCAAGCGCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

Fig. 3D

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACACGTC
ACCAATGACTGCCCCGAACCTCGAGCATAGTTTATGAGGCCGACCACCATCTTGCACCTTCCAGGT
TGCCTGCCCTGCGTGAGAACTGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCAGGATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAATCTTCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACACGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCATCTCCAGGT
TGCCTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAATCAGTCGAGTTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTTTCGGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCGGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTCCGACCACGCGGCCACTGGACCACCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAATATTCCCGGTTGCTCYTTTCTATCTTCCCTTGTGGCACTT
CTCTCGTGTCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCCACTAACTATCGCAACGTCCTCGGGCATCTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGT
TGCCTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAATCAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACACCGCGCGCGCGCTTGAGTCTTTCGGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGAGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCAGCCTCGGCGGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAYCTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGA
TGCCTGCCCTGCGTGAAAGAGGGAAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTCCGACCACGCGGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCATCCTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCTCAGCATTATCGGAATGTCTCGGGCATTTACACGTC
ACCAATGACTGCCCCGAACCTCCAGCATAGTGTATGAGTCCGACCATCACATCTTACACCTACAGGG
TGTGTACCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCCTTAAACACCTACCGTGGCC
GCGCCATACTTTCCGCTCCACTTATGTCCGTACGGCGGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCGAGCT
ACCCATATCGTCTGCCCTTACGTTGGAGACCTTTCGCGGGGTGCCTTCCTAGTGGGGCAGATGTTT
ACCTTCCAGCCCGCTCGCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)
ATGAGCACACTTCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGAAACACCAACCGTCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCTCGGGTGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTTCGCGCGAGGGGCCCTCGTTT
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAACTTCTGAACGGTCCCAGCCAGGGGTAGACGCCAACCTATACCG
AAGGTGCGTCAACCAACGGGCGGTACCTGGGCTCAACCGGGTACCCCTGGCCCTCTTTATGGGAAT
GAGGGTTGTGGCTGGGCGAGGTGGCTCTGTCTCCCCNCGGCTCTCGCCCTAATTGGGGCCCTAAT
GACCCCCGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAAGTTCATCGATACCCCTACTTGNGGSTTCGCGGAC
CTCATAGAGTACATTCC

32/74

Fig. 3E

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)
ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAGAAAAACCAAGAAACACCATCCGCCGCCACACA
GGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCGCAG
GGGCCCGCGCTTGGGTGTGCCGCGCAGCAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG
TAGGCGCCCAACCAATACCCRAAGTGCGCCACCAACGGGGCCGTACCTGGGCCAGCCCGG
GTACCCCTGGCCTCTTTATGGAATGAGGGCTGTGTTGGGCAGGCTGGCTCCTGTCCCC
CCGCGGCTCTCGCCCAAATGGGGCCCAACGACCCCGGGGAGGTCCCGCAACTTGGG
TAAAGTCATCGACACCCTTACTTGGCGCTTCGCGACCTCATGGGGTATATCCCTGTCTAG
GCGCTCCGWTGGGAGGCGTCCGCGNGGCCCTGGCGCATGGGGTCANGGNCATCGAGGACGNGTAA
ATTACGCAACAGNGRATCTTCCCGGNGGCTCTNCTCTATCTTCTTGGCACTTCTCTCGTGCC
TTACAACACCAGCCTCCGCGCGCATTATACCAACAAGTCTGGCCTGTACCATCTACCAACGACT
GCCCAACAGCAGCATCGTTTATGAGGCGGAGACACTGATTTTGCACCTTGCCTGGGTGTGTACCTT
GTGTGAAGRTGRACAATCAATCCCGGTGCTGGGTGCAGGCCCTCCCGACCCCTGGCAGTGCCGAACG
CGTCTACCCAGTCACCGGGTTCCGCAACATGTGGACATCATGGTGGGCGCTGCCGCGTTCTGTT
CAGCTATGTATGTGGGGGACCTGTGCGGGGGCCTTTTCTCCTTGGACAGCTCTTCACGCTCAGGC
CTCGGATGCATCAGGTTGTCCAGGAGTGTAATGTTCCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC
GAATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)
ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAGAAAAACCAAGAAACACAAACCGTCCGCCAATGGATGTC
AAGTTCCCGGGCGGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGTACC GCGCAGGGGCCACGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCGGAACGGTCCCAGGCCAGAGGTAGGCGCCAAACCAATACCC
AAGGTGCGCCAGAACCAAGGCCGAACCTGGGCTCAGCCTGGGTACCCCTGGCCCCCTTTATGGGAAC
GAGGGCTGCGGGCTGGGCGGGGTGGCTCTTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGNGCCCAAT
GACCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTCAATCG
ACACCCCTCACTTGGCGCTTCGCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCTGTTGGCGCCCCCTT
TGGAGGCGTTGCGGGCGGAACCTGGNACATGGTGTGAGGGCCATCGAGGACGGGATAAATATGCAAC
AGGGAATCTTCTGTTGCTCTTCTCTATCTTCCWCTTGGCACTTCTCTGTCCTACCAACGCC
TGCTTCCGCACTAACTATGCTTACCAAGTCTGGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCAATAG
CAGCATTTGTGTATGAGGCCAATGGCATGATCCTGCACTCTCCCGGGTGGCTCCCTGCGTGAAGAC
CGGCAACCTGACCAAGTGTGGCTGTGCGGCTCCCGACATTGGCGGTGCAGAAATGCGTGGGTGTC
CATCAGGGGTGTCCGCGAGCACGTGGACCTCTTGGTGGGTGCTGCTGCGTCTGCTCTGCCATGTA
CGTGGGCGACTTATGCGGTGGGCTCTTCTCCTTGGGCAAGTTGTTACGTTTACAGCCAGGATGTA
TGAGATCGCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)
ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAGAAAAACCAAGAAATACTAACCGTCGCCCTATGGAC
GTCAAGTTCCCGGGCGGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGG
CCTCGTTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCAGG
CGCCAGCCCATACCAAGGTACGCCAGCCGACAGGCCGTAGCTGGGGTCAACCCGGCTAC
CCTTGGCCCCCTTTATGGCAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGC
GGGTCTCGTCTTAATTGGGGCCCCAACGACCCCGGGAAGGTCCCGCAACTTGGGTAAG
GTCATCGATACCCCTTACATNCGGNCATAGCCGACCTCATGGGGTACATCCCTGTCTAGGAGG
GCCGCTTGGCGGGCGTTGCGGCTGCCCTGGCGCATGGGCTTAGGGCAATCGAGGACGGGGTCAATTA
CGCAACAGGGAATCTTCTGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTCTTACACTGTTATCGTGCTCAC
TACACCAGCCTCAGCAATTCAAGTCAAGAAGCCTCTGGGATCTACCATCTTACCAATGACTGCTC
GAACAACAGCATCGTTTTTGGAGCGGAGACCACTTACTGCACTCTTCCAGGTTGTGTCCCATGTAT
CAAGGCGGGGAATCAGTCACGATGTTGGCTCCTCTGCTCCCCACCTTAGCCGTCCCCAAGTCATC
AGTGCCCAATCCAGGGTTTCGCCGACACGTAGACCTCCTCGTTGGGGCAGCGGCATTTTGTTCGGC
CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTTGGTAGGGCAGCTTTTACTTTCAGGCCTAA
GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAATGCTCTATNAACNCTGGCCACGTCACGGGACACAGGAT
GGCA

33/74

Fig. 3F

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT
AAGTTCCAGGCGGGCGGTGATCGTTGGTGGAGTTTACGTGCTACACGCAGGGGCCCCAGTTG
GGTGTGCGTGCAGTGCAGCAAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTGCGAGTAGGGGCCAACCCATCCCC
AGGGCGCCSCGAACCGAGGGCAGGTCTGGGCTCAGCCCGGTACCCCTTGGCCCTATATGGGAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGAGGGTGGCTCCTGTCCCGCGCGGCTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)

GACGGAATTAATTTGCAACAGGGAATTTACCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCTTTG
TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCGGGGTGGAGTACCGTAATGCCTCCGGACTCTACATGGTA
ACTAACGACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCGGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC
TGTGTCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGCCCYACCGTCCGC
GTGAAGTGCCTGCGCCGCGCCACCGCCTCTCTCCGACGCACGTGGATATGATGGTGGRGCGGCC
ACCCCTATGCTCAGCTCTCTACGTAGGAGACCTTTGTGGAGCGCTATTTCTTGTGGGAGGGGTTG
TCATGGAGACATCGCCAGCATTGGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAATGACATCCGTGTCGAGGAATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGGTGTACATCGGGGGCCCTAACCATTTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTACCGTCCGTGTCGCGCCAGCGGGCGTGTGACTACCAAGCTGCGGCAA
CACCCCTGACATGCTACTTGAAAGCCAGAGCGGCTGTGAGCTGCAAGCTCCGGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGTGCGGGAGTCGAGGAAGACGCGGCGAA
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
YGAGGCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGGTGTACGTGCGGGGGCCCTAACCATTTC
AAAGGGGCGAAGTGCAGGCTACCGTCCGTGTCGCGCCAGCGGGCGTGTGACTACCAAGCTGCGGCAA
CACCCCTCACATGCTACTTGAAAGCCAGGGCGGCTGTGAGCTGCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGCGCGGGAGTCGAGGAGGACGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTCGTGTCGAGGAATCAATCTACCAAGTGTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGGTGTATATCGGGGGTCCCTAACCATTTC
AAAAGGGGCGAAGTGCAGGCTACCGTCCGTGTCGCGCCAGCGGGCGTGTGACTACCAAGCTGCGGTA
TACCCCTCACATGCTACTTGAAAGCCAGGGCGGCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGTGCRGGAGTCGAGGAGGATGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCTTTCTTGGATCAACCCGCTCAATGCCTTGA
GATTTGGGCGTGCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGTGTGGGTGCGGAAGGCGCTTG
TGGTACTGCTGATAGGGTGTGTCGAGTGCCTCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCAT
GAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAABACCAAAGAAACACCAACCGCGGCCACAGGA
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGAAGACTTCGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAG
GCGCCAACCTATTCCCAAGGAGCGCCSACCCSAGGGCAGGTCTGGGCGCAGCCCGGTA
CCCCTGCCCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGGAGGTNGGCTCCTGTCCCCCTCG
CGGCTCCCGTCTTAGTTGGGGTCTACTGACCCCGGGCGTAGGTACGCAATTGGGTAA
GGTCATCGATACCCCTCAGGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGGTACATACCG

34/74

Fig. 3G

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC
CGAAGCACGTGTAGCCATCAAGTCTTTGACTGAAAGGCTGTACGTCCGGGGGCCCTTGACCAATTC
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGGCGTCTTGACAACCAGCTGCGGCAA
CACCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCTGTGATCTGCCAGAGTGTAGGGACCCAGGAGATGCGGCGAG
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGATATCCGTTCAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCAGAGAGGCTTTATATCGGGGGTCCCTGACAAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCGGATGCCGTGCAAGCGGCGTCTTGACGACTAGCTGCGGCAA
CACCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGATTGCTCAAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGTGCTTATCTGCGAGATCGAGGGGNTCCANGAGGATCCGTCGAN
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAACCAAACGTAAACATC
AACC GCCGCCACAGGACGTCAAGTTCGCCGGGCGGTGGCCAGATCGTCCGTGGAGTTTAC
CTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCCGCGEACTAGGAAGACTTCCGAGCGG
TCGCAACCTCGTGGGAGGCGACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGATCCGAGGGCAGGTCC
TGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGCCCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTTGGGCGAGGG
TGGCTCTGTCCCCCATGGCTCCCGGCCCTAGTTGGGGCCCTTCAGACCCCGGCGTAGG
TCGCGTAATTTGGGTAAAGTTCATCGATACCCTCACATGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGG
TACATTCGCTCGTCCGGCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC
CGGATCTACCACGTCAACCAACGATTGTTCCAATGGGAGCATTGTGATGAGGCGGAAGG
CATGATCATGCATCTCCCCGGGTGCGTGCCCTGCGTTCGGGAAGGTAATATCTCTCGTTG
CTGGGTACCGTTTTTCCCCACGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCACTCAGGCAAT
TCGGGCGACAGCTCGACTTGCTTGTGGGGCGGCCACACTCTGTTCTGCTATGTATGTGGG
GGACCTCTGTGGGTCCGTCTTCTCGTCCGCGCAACTGTTACCTTCACAWCCCGCCAGNA
CTACACAGTGCAAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGATATCCGTGTGAGGARTCAATTTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAGTTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTCCGGGGGCCCTCTCACCACCTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCGTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA
CACCTCACATGCTACCTGAAAGCCGCGCGGCCCTGTGAGCTGCAAGCTCCGGGAATGCACAAAT
GCTCGTGTGTGGCGACGACCTCGTCTTATCTGTGAGAGTGCAGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
CCTNNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAGGCTTGTTTCTTACCCGA
GCAGGCCAGAACTGCCATACACTCATTGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CRAAGGGCATCTGCGGATACAGGCATTGCCGCGCCAGCGGAGTGTACACCACCACTATGGGGAA
TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACCAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTAGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGAGTCGAGGAGGACGACCGGA
CCTGANNNNN

35/74

Fig. 3H

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTCACAGAGAGGGATATAAGAACTGAGGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAGGCCCGGACTGCCATACATTCACTTAAGTGAAGAGCTTTACGTGGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAGTCCTGCCGATACAGGCGTTGCCGCGCTAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAAGCTGCGGGCATTGTTGCCCCCAGCAT
GCTGGTGTGCCGCGATGACCTGCTTGTCTCTCAGAGAGTCAGGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTTACCTTGCTGCTCCTTACCCGA
GCAAGGCCGAACTGCCATACATTCACTTAAGTGAAGAGCTTTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGACAGTCCTGCCGTTACAGACGTTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGCATGGGGAA
TACCATCACATGCTATGTGAAGGCATTAGCTGCCTGCAAAGCTGCAGGCATCGTTGCTCCCACGAT
GCTGGTTTTGTGGCGACGATCTGGTCATCATCTCAGAGAGTCAGGGAACCGAGGAGATGAGCGGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCTCCAGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCCGGAAGACTGGGTCCCTTTCTTGGATAAACCCTCTATGCCCGGC
CATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCTCAT
GAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACAAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGA
CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGTCNTGCAGGGG
NCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCCAGCCACGTGGGAG
CGGCCAGCCCATCCGAAAGATCGGNGCACCCTGCAAGTCTTGGGACGTCCAGGATA
TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTCGGGTGGGCAAGGTGGCTCCTGTCCCCCG
GGGCTCCCGCCCGTCATGGGGCCCCACGGACCCCGGCATAGGTGCGCAACTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCCTCACGTNCGGCTTTNCCGACCTCATGGGGTACATTCCCGTCGTTGG
CGCCCCAGTAGGNGGCGTCGCCAGAGCTCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCTTGGAGGACGG
GATAAATATGAAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTCCCTCCTTGCTCT
TCTGCTCTGAATTACCGNGCCAGTTTCTGCTGTGGAAATCAAAAACACCAGMAACATA
CATGGTGAATAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNGNNGCGGGTGCT
TCACGTTCTTGGATGCGTCCCTGTGAACGAGAGGGCAACAGTTCCCGGTGCTGGATTCC
AGTCACGCCCCRACGTARNCGTGAGCCGACCTGGTGCCCTAACCGAGGGTTTTCGATCGCA
CATCGACACCATCGTAGCGTCCGCAACATTTTGTCTGCCCTCTACATAGGGGATGTATG
TGGCGCGATAATGATAGCTGCCCAAGTGGTCATCGTCTCGCCGGAGCATCATCACTTTGT
CCAGGACTGTAAGTGTTCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCTTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCTGTTCACTTCCCGA
GGAGGCCCGAGCTGCCATACACTCACTAAGTGAAGAGGCTGTACGTGGGAGGTCCCATGCAGAACAG
CAAGGGGCAATCCTGCCGATACAGGCGCTGCCGCGCCAGCGGGGTGCTCACCCTAGCATGGGGAA
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCCGAGGCGGCTGCGGGCCGCGGGCATTGTTGCCCCACAAT
GCTGGTGTGTGGCGACGACCTGGTCTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA
CCTGAGACCT

36/74

Fig. 3I

SEQ ID NO. 79 (FR18,21)

CTCAACAGTTCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA
GGAGGCCCGGACTGTCTATACATTTCGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG
CAAAGGCCAGTCCCTGTGGATACAGGCGTTGTCGCGCCAGCGGGTGTTCACCACTAGCATGGGCAA
TACCATCACGTGCTATGTGAAGCCATGGCAGCTTGCAGAGCTGCCGGGATTGACGCCCCACAAAT
GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACCGAGGAGGACGAGCGAAA
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64,3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC
TTGAGCCCGGAGGCTAGACCGGCAATCAAATCGCTCAGGGAACGGCTTTACGTTGGAGGTCCCATGT
TCAACAGCAAGGGGCTCAAATGCGGATATCGCCGTGCGGTGCTAGCGGTGTATTGCCCACTAGCT
ACGGTAATACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTCGAGCTGCGGGCTTCRAGACC
CATCATTCCTTGTCTGCGGAGATGATTTGGTGGTAGTGGCTGAGAGTTGCGKCGTTGATGAGGAGG
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8,4k)

CTCCACTGTAAACCGAAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTGTGACCTGGAGCC
CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGGCGGCCCATGCACAACAG
CAAGGGAGACCTTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACGACCACTTCGGAAA
CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT
GCTGGTTTGGGTTGACGACTTGGTCTGTCATCGCTGAGAGCGATGCCGTAGAGGAGGATACCGAGC
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12,41)

CTCCACGGTGACTGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
CGAAGCCCGCAAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGCTCTACTTGGGCGGCCCATGTATAACAG
CAAAGGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGGAGCGGAGTGTACACCACAAGTTTCGGGAA
CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGCTACCAGGGCTGCAGGCCATAAAGACTGCACCAT
GCTGCTCTGCGGTGACGACTTGGTCTGTCATCGCCGAGAGCGAGGGCGTAGAGGAGGATTCCCAACC
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81,4m)

CTCCACCGTAAACCGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAGGAGGTCTATCAGTGTGTGATCTGGAGCC
AGAGGCCCGCAAGGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTGGGCGGTCCCATGTTTACAG
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACCACCACTTCGGAAA
CACACTGACCTGCTACCTCAAAGGCCACGGCCGCTACCAGAGCGGCCGCTGAAGGATTGCACAAT
GCTGGTTTGGGGGACGACCTGGTCTGTCATCGCAGAGAGCGATGCCGTGGACGAGGACCGCCGAGC
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13,7a)

CTCAACAGTTCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAGTGTGTAAAGTTGGAGCC
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC
TAAAGGTTCAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCACCATCCTGGCCAA
TACTCTGACTTGCTACTTGAAAGCTCAGGCGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTCTGTTATTTCCGAGAGTTTGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC
ACTGCGAGCT

37/74

Fig. 3J

SEQ ID NO. 91 (VN4, 7c)

CTCGACAGTCACCGAGCGCGACATCCRCACCGAGCAGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC
GGTGGCAGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWWGGGCCCCATGATGAACCTC
CCGTGGTCAATCATGTGGATACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGCTCACCACGAGCTTGGGCAA
TACCCCTACATGCTATTTGAAAGCACRAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAAGCTCAAAAACCTATGACAT
CTTACTCTGCGGAGACGATCTAGTCGTTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC
CCTGCCAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12, 7d)

CTCCTCCGTACCGGAGCGTGACATCCGCACTGAACACGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC
GGTAGCACGGAAAGCCATTACATCTCTTACTGAGCGGCTGTACTGCGGGCGGCCCCATGTACAACCTC
TCGAGGTCACTCATGTGGGTACCGCAGGTGCCCGGCTAGTGGTGTCTTCACCACAAGCTTGGGCAA
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTCAAAAACCTTGTACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCGTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC
CCTGCCAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1, 9a)

ATCCACAGTCACGGGGGCGGACATACGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCTGCCAGCTCGACCC
AGAGGCCCCGAAAGCCATAAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTGCGGGGGCCCCATGTACAACCTC
AAAGGGCCAACTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGGTAA
CACCATCACATGCTTCTTGAAGGCAACCGCGCTTGGCGAGCAGCCGGCTTTACAGATTATGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGATTGTTGTCTGTAAGTGTGAGAGTGTGAGTCAACGAGGATATCGCTAA
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98, 10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAAGCTTTCCATCTTTTCAAGGCTGTGACCTCAAGGA
CGAGGCTAGGAGGCTGATAACTTCACTCACGGAGCGGCTTACTGTGGTGGTCTATGTTCAACAG
CAAGGGACAACACTGCGGTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGCTACCCACCAGCTTCGGGPA
CACATCACCTGTTACATCAAAGCAAAGGCAGCTACCAAAGCTGCCGGAATTAAATCCATCATT
CCTTGTCTGCGGAGATGACTTGGTGGTGATTGCTGAGAGTGCAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14, 11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA
AGAGGCCCCGAAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCTTGGCGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAAGCTAAAGCGGCTTGTAAAGCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGTGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAGCGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15, 11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATTTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCCGAAAGGCAATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAAGGCCAGGCTTGGCGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAAGCTAAAGCGGCTTGTAAAGCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGTGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAGAGCAAGGGGGTAGAGGAGGACCAGCGGA
CCTAC

38/74

Fig. 3K

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)
CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC
GGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCCCTTTCTTGGATTAACCCACTCTATGCCCGGAGATTGGGCGTG
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTGCGAAAGGCCTTGTGGTACTGCCTGATAGGG
TGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCAACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAG
ACAAACCAAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTTAAGTTCCTGGGCGGTGGCCAGATCGT
TGGCGGGGTGTAATTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGAGTGGGTGTGCGCGGACGAGAAAGACCTC
GGAGCGGTCCCGAGCGGTGGGAGGCGCCACCTATCCCCAAGGTTAGGCGCACACCAGCGCGCTT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)
CTCTACTGTACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYATCTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCGGAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCGATGGAAAACAG
CAGGGGCCAGGCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATCACCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAAGCCAGGCGGCTTGTAAAGCCGCTGGCATTGTTGACCCAGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)
MSTNPKPQKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF
KAXRXEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRENWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG
CVPCVREDNHLRCWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHVDLLVGXITFCSAMVYVXDLGGSVFLAGQLF
TFSPRMHHTTQECNCST

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)
MSTNPKPQKTKRNTNRRPQDVKXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRDRRQPIF
KARQSDGXWAQPGHPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTAHEVRNASGVYHLTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG
CVPCVRENNSSRCWMXLTPTLAVKDANVPTAAIRRHVDLLVGTAAFRSAMYVGDLCGSVFLVGQLF
TFSPLRYHTTQECNCST

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)
MSTNPKPQKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPARGPRLGVRARAKTSERSQPRGRRQPIF
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)
MSTNPKPQKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF
KARRPEGRSWAQPGYPWPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRVLXGGVXXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPTSAIEVHSTT
DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDIIILHTPGXVPCIREGNI SRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRRHVDL
LVGAATVCSAMYIGDLGGVFLVGQLFTFTSRHWT
VQDCNCSTIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)
MSTNPKPQKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF
KDRXATGRSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)
TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVFVSXV
EVKNTSQAAYMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVPGCVPCENSSGRFHCWIPISPNIAVSKPGALTQGL
RARIDAVVMSATLCSALYVGDVCGAVMIAQAFTVAPKRHYFVQECNCSTIYPGHITGHRMA

39/74

Fig. 3L

SEQ ID NO. 19 (FR4, 2f)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSESRQPRGRQPI
KDRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSNLGKVIDTLTCGFXD
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNNS
HFYMATNDCCANDSIVWQLRDAVLHVPVCPCERSGNRTFCWTAVSPNVAVSRPGALTRGLRAHIDT
IVMSATLCSALYIGDLGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNCISIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCVTVPVSAVQVKNTSTMYMATNDCCSNNSIIVQMGAHLVHPG
CVPCELQGNKSRWCIPVTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVCAGVMAAQV
IVSPQHNFSDCCNCISI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGRSLAETCARRGKLRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCCSNNSIIVWQLKDAVLHVP
CVPCEHQNQSRWCIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDGAVMLVSQFF
MISPOHHIFVQDCNCISI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCCSNNSIIVWQLEEAHLVHP
CVPCEWKDNTSRWCIPVTPNLAVSQPGAXTKGLRTHIDTIVASATFCSALYV

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRQPI
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)
DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYVVTNDCCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPVREGNQSRWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPVRTGNQSRWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGFLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPVVRVGNQSSCWVALTPTIAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGFLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)
DGINYATGNIPGCXFSIFLXALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCCPNSSIVYEADHEILALP
CVPVVRVGNQSRWVALTPTVAAPYTAAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGXLCGFLFLVGQMF
SXQPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCCPNSSIVFEADHHILHLP
CVPVKEGNHNSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGFLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)
DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCCPNSSIVYESDHHILHLP
CVPVKTGNTSRCWVALTPTVAAPILSAPLMSVRRHVDLMVGAATLSSALYIGDLGGFLFLVGQMF
TFQPRRHWTQDCNCISI

40/74

Fig. 3M

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRQPIPKVRHQTGRRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPXGSRPNWGPNDPRXSRNLGKVIDTLTXFADLIEYI

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRQPIPKVRHQTGRRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPVVGAPLGGVAAALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXISIXLLALLSCLTTPASAAHYTNKSLYHLLTNDCPNSSIVYEATLILHLPGCVPCVKXNQSRCWVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDIMVGAAAFCSAMYVGDLCGGFLVGLFTLRPRMHQVVQECNCSTYTGHITGHRMA

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQARGRRQPIPKVRQNOGRRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNDPRXSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPVVGAPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFXLALLSCLTTPASALNYANKSLYHLLTNDCPNSSIVYEANGMILHLPGCVPCVKTGNLTKCWLASPTLAVQNASVSIRGVREHVDILVGAAAFCSAMYVGDLCGGFLVGLFTLRPRMYEIAQDCNCSTYAGHITGHRMA

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRQPIPKVRQPTGRSWGQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTXXLADLMGYIPVLGGPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASAIQVKNASGIYHLLTNDCSNNSIVFEAETMILHLPGCVPCIKAGNESRCWLPVSPTLAVPNSSVPIHGFRRHVDILVGAAAFCSAMYIGDLCSIIIVGLFTLRPKYHQVTQDCNC SXNKGHVTGHRMA

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRSRQPIPKRARRTEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRR

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIILHLPGCVPCVRSNTSRCWIPVXSXTVAVKSPCAATASLRTHVDMVKAATLCSALYVGDLCGALFLXGQGF SWRHRQHWTVQDCNCST

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDL VVICESAGVEEDAANLRA

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDL VVICESAGVEEDAANLRV

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDL VVICESAGVEEDAANLRV

41/74

Fig. 3N

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPRLGVRAARKTSERSQPRGRRQPIPKERRPEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCKFADLMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESIQCCDLHPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGENCYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYIKALACRAAKLQDCTMLVCGDDLVLVICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIQCCDLDPKARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYIKARACRAAKLQDCSMLVCGDDLVLVICESIEGXXEDPSXXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIPKARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGGMWAGWLLSPHGSRPSWGSPDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGVARALAQGFRL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEXSIYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVLVICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESIQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRHCRASGVLTTSMGN
TITCYIKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGVEEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGAEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLXCRXPRXXXCATXKTXEQSQPRGRRQPIPKDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGLWAGWLLSERGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFADLMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFSISLLALLSITXPVSAVEIKNTXNTYMTVNDCSNXSITWQLXXAVLHVPGCVPCEREGNSSRCWIFVTPXVXVSRPGALTEGLRSHIDTIVASATFCSALYIGDVCGAIMTAAQVVIVSPEHHHFVQDCNCSIYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYLSLSLPEEARRAIHSLTERLYVGGPMQNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TLTCYLKAAACRAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGTERDENNLAP

42/74

Fig. 30

SEQ ID NO. 80 (FR18, 21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMNSKGQSCGYRRCRASGVTTSMGN
TITCYVKAMAACRAAGIDAPTMLVCGDDLVISESQGTEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64, 3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLTPTSIGN
TITCYIKARAAARAAGLQDPSFLVCGDDLVIIVAESECVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8, 4k)

STVTEKDIRPEEEVYQCCDLEPEARKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TLTCYLKASAAIRAAGLRDCTMLVCGDDLVIIVAESEGVVEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12, 41)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARKAISALTEXLYLGGPMYNSKGEKCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVIIVAESEGVVEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81, 4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVIIVAESEGVVEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13, 7a)

STVTERDVQTEHDIYQCKLEPAARTAITSLDRLYXGGPMXNSKGQACGYRRCRASGVLTITILAN
TLTCYLKAQAACRAAGLKDFTMLVCGDDLVIIVAESESLGVSEDTALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4, 7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCXGPMNSRGQSCGYRRCRASGVLTITSLGN
TLTCYLKAQAACRAAKLKNYDMLVCGDDLVIIVAESEGGVSEDDVALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12, 7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVYTTSTLGN
TMTCYLKAQAACRAAXKLKNFDMLVCGDDLVIIVAESEGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1, 9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSQQLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMYNSKGQLCGQRRCRASGVLTPTSMGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDLVIIVTESAGVNEIDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98, 10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSLTERLYCGGPMFNSKGQHCYRRCRASGVLTPTSFGN
TITCYIKAKAATKAAGIKNPSFLVCGDDLVIIVAESEAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14, 11a)

STVTERDIRTEESIYLSQQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVYTTSTLGN
TMTCYIKAKAACKAAGTVDPMVLCGDDLVIIVSESKGVVEDQORDLRV

43/74

Fig. 3P

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVI SE SKGVEEDQRD LXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVRATRKTSERSQPRGRRQPI P
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVI SE SKGVEEDQRD LRX

44/74

Fig. 4A Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	1	50
HCV-1	1a	229	MSTNPKPQKKNKNTNRRPQDVKFPGGGOIVGGVYLLPRRCPRLGVRATR	
HCV-J	1b	230	-----R-T-----	
BNL1	1d	2	-----R-T-----XXXXX	-X-
BNL2	1d	6	-----R-T-----X	
CAM1078	1e	10/60	-----R-T-----V	-A-
FR2	1f	12	-----R-T-----	
FR16	1g	66	-----R-T--I-----	
HC-J6	2a	231	-----R-T-----	
HC-J8	2b	232	-----R-T-----	
CH610	2c	233	-----R-T-----	
NE92	2d	234	-----R-T-----	
BNL3	2e	14	-----R-T-----	
FR4	2f	18	-----R-T-----	-P-
FR13	2k	76	-----R-T-----XC-X-XXXC-X	
EB1	3a	247	--R-T--I-----V-----C-	
NZL1	3a	248	--L--R-T--I-----V-----	
HCV-TR	3b	235	--L--RQT--L--N-----V-	
GB358	4c	249	-----R-T--M-----	
DK13	4d	236	-----R-T--M-----	
CAM600	4e	237	-----R-T--M-----	
GB809	4e	238	-----L-R-T--M-----	
HPCCOREEZA	4?	250	-----T-----G	
HPCCOREZB	4?	251	-----M-----	
HPCCOREZC	4?	252	-----M-----	
GB724	4?	253	-----R-T--M-----	
BNL7	4k	28	-----R-T--M-----	
BE95	5a	239	-----R-T-----	-M-
HK2	6a	240	-----L--R-T--T-----	
VNI3	7a	46	-----L--R-T-----	
VN4	7c	44	-----L--R-T--I-----	
VNI2	7d	48	-----L--R-T--M-----	
FR1	9a	42	-----L--R-T--M-----	
NE98	10a	50	-----L--R-T--X-----V-Q-----V-	
FR19	11a	104	-----RQT-----V-----	

45/74

Fig. 4B

Isolate	Type	SEQ ID	Core-V
HCV-1	1a	229	51 KT SERSQPRGRROPIPKARRPEGRWQAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSP
HCV-J	1b	230	100 -----M-----
BNL1	1d	2	-----X-X-----S-----X-----
BNL2	1d	6	-----D-----QSD-XX-----H-----X-----
CAM1078	1e	10/60	-----E-----S-----A-----
FR2	1f	12	-----S-----S-----M-----
FR16	1g	66	-----S-----S-----L-----
HCV-J	2a	231	-----D-ST-KS-GK-----L-----
HCV-J	2b	232	-----D-ST-KS-GK-----L-----
CH610	2c	233	-----D-TT-KS-GR-----L-----
NE92	2d	234	-----D-T-KS-GK-----L-----
BNL3	2e	14	-----D-XAT-S-GR-----L-----
FR4	2f	18	-----D-AT-KS-GR-----L-----
FR13	2k	76	-----D-XTT-KS-GR-----L-----
EB1	3a	247	-----X-Q-----S-----S-----
NZL1	3a	248	-----S-----S-----S-----
HCV-TR	3b	235	-----KQ-HL-----SR-----S-----K-----L-----
GB358	4c	249	-----S-----S-----S-----
DK13	4d	236	-----QL-----S-----
CAM600	4e	237	-----T-----S-----
GB809	4e	238	-----S-----S-----S-----
BNL7	4k	28	-----S-----S-----S-----X-----
HPCCOREZA	4?	250	-----S-----S-----S-----F-----
HPCCOREZB	4?	251	-----S-----S-----S-----
HPCCOREZC	4?	252	-----S-----S-----S-----K-----
GB724	4?	253	-----S-----S-----S-----A-----
BE95	5a	239	-----Q-T-S-G-----A-----L-----
HK2	6a	240	-----Q-Q-H-----
VNI3	7a	46	-----V-HQT-----
VNI4	7c	44	-----V-HQT-----
VNI2	7d	48	-----A-----V-QNQ-----
FR1	9a	42	-----V-Q-T-S-G-----
NE98	10a	50	-----S-----R-----T-----S-----
FR19	11a	104	-----V-----TT-----

46/74

Fig. 4C

Isolate	Type	SEQ ID	101	150
HCV1	1a	229	RGSRPSWGPTDPRRRRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGAARA	
HCV-J	1b	230		
BNL1	1d	2		
BNL2	1d	6		
CAM1078	1e	10/60		
FR2	1f	12		
FR16	1g	66	H	
HC-J6	2a	231		
HC-J8	2b	232		
CH610	2c	233		
NE92	2d	234		
BNL3	2e	14		
FR4	2f	18		
FR13	2k	76		
HCV-TR	3b	235		
GB116	4c	241		
DK13	4d	236		
CAM600	4e	237		
GB809	4e	238		
G22	4f	242		
GB549	4g	243		
GB438	4h	244		
BNL7	4k	28		
BE95	5a	239		
HK2	6a	240		
VN13	7a	46		
VN4	7c	44		
VN12	7d	48		
FR1	9a	42		
NE98	10a	50		

47/74

Fig. 4D

Isolate	Type	SEQ ID	151	V1	200
HCV1	1a	229	LAHGVRLVDGYNVATGNLPGCSFIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL		
HCV-J	1b	230	-----	I-----E--VS-I	
BNL1	1d	4	-----	-----XT-HE--AS-V	
BNL2	1d	8	-----	-----TT-HE--AS-V	
FR2	1f	12	-X-----XG--XXXXX-X--XX--X-----T--E-HST-DG		
FR16	1g	66	--Q-F-D-		
HC-J6	2a	231	-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG		
HC-J8	2b	232	-----I-----V--V--VE--ISSS		
CH610	2c	233	-----I-----S-----IS--V--VE-K-TSTS		
S83	2c	254	-----	VE-KDTGDS	
NE92	2d	234	-----I-----I--V--GL--K-TSSS		
BNL3	2e	16	-X-----I-X-----V--V-XVE-K-TSQA		
FR4	2f	18	-----I-----I--V--I--K-NSHF		
BNL4	2g	20	-----I-----V--V--K-TSTM		
BNL5	2h	24	-----I-----V--K-TSHS		
BNL6	2i	26	-----I-----I--V--V--A-RS-S		
FR13	2k	76	-----I-E-----S-----/I-X-V--VEIK-TXNT		
BR36	3a	255	-----A-G-----F-----C-----LEW--TS--		
HCV-TR	3b	235	-----	EHY--AS-I	
Z4	4a	256	-----	EHY--AS-I	
GB809-4	4a	257	-----	VHY--AS-V	
Z1	4b	258	-E---AV---I-----S-----T--VNY--AS-V		
GB116	4c	241	-----	IHY--AS-V	
GB215	4c	259	-----	VNY--AS-I	
GB358	4c	260	-----	NY--S-V	
DK13	4d	236	-----L-----	-----NY--S-V	
CAM600	4e	237	-----AV---I-----T--VNY--AS-I		
GB809-2	4e	238	-----AV---I-----GVNY--AS-V		
CAMG22	4f	261	-----AV---I-----VHYH-TS-I		
CAMG27	4f	262	-----	VHYH-TS-I	
GB549	4g	243	-----AV---I-----QHY--IS-I		
GB438	4h	244	-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I		
BNL7	4k	30	-----I-F-----	INY--VS-I	
BNL8	4k	32	-----I-----	INY--TS-I	
BNL9	4k	34	-----I-----	INYH-TS-I	
BNL10	4k	36	-----I-----I--X--X-----TNY--VS-I		

48/74

Fig. 4E

BNL11	4k	38	-I--X-----	TNY--VS-I
BNL12	4l	40	-I-----	QHY--VS-I
BE95	5a	239	-I-----	VPY--AS-I
BE100	5a	263	-I-----	VPY--AS-I
HK2	6a	240	-AI--I-----	T-----LTYG--S--
VN4	7c	44	-XXI-X-----	T-----AHYT-KS--
VN12	7d	48	-X--AI-I-----	T-----LNYA-KS--
FR1	9a	42	-AI--I-----	T-----I--K-AS-I
NE98	10a	52	-I-F-----	F--LT-TAGLEY--AS--

49/74

Fig. 4F

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
			201			250
HCV-1	1a	229	YHVTNDCPNSSIVYEADAALHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPVATRD			
HCV-J	1b	230	-----S-----M-----S-F-----L-----L-A-N			
BNL1	1d	4	-----I-----MDGM-M-Y-----D-HL-----M-L-----L-VKX			
BNL2	1d	8	-----S-----I-----MSGM-----A-----N-S-----MXL-----L-VK-			
FR2	1f	12	-----S-G-----K-I-----X-I-----I-----PL-----L-A-I			
HC-J6	2a	231	-----T-D-----TWQLQA-V-V-----EKV-----T-----IPVS-N-----VQQ			
HC-J8	2b	232	-----Y-A-----S-N-----TWQLT-----V-L-----ENDNGTLH-----IQV-N-----VKH			
CH610	2c	233	-----M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N-----I-Q			
SH3	2c	254	-----MP-----S-----WQLEG-V-----E-TA-V-----PVA-NL-ISQ			
NE92	2d	234	-----M-----Q-----WQLR-V-V-----E-EK-----I-----IPVS-NI-VSQ			
BNL3	2e	16	-----MA-----S-N-----WQLX-V-V-----ENSSGRFH-----IPIS-NI-VSK			
FR4	2f	18	-----MA-----A-D-----WQLR-V-V-----E-S-RTF-----T-VS-N-VSR			
BNL4	2g	20	-----MA-----S-N-----IWQMGG-V-V-----ELQ-K-----IPV-N-VNQ			
BNL5	2h	24	-----M-----S-----WQLK-V-V-----E-HQ-Q-----IPV-N-VSQ			
BNL6	2i	26	-----M-----S-----WQLEE-V-V-----EWKD-T-----IPV-NI-VSQ			
FR13	2k	76	-----M-----S-X-----TWQLXX-V-V-----E-----S-----IPV-X-XVSR			
BR36	3a	255	-----VL-----S-----D-V-----I-----QD-----T-T-----TPV-----VKY			
HCV-TR	3b	235	-----VL-----S-G-----E-V-----L-----TT-Q-S-----TTVST-----V-T			
Z4	4a	256	-----I-----DHH-----L-----L-----MT-----T-----TPV-----VAH			
GB809-4	4a	257	-----I-----V-----TDHH-----L-----L-----A-V-----TPV-----AVS			
Z1	4b	258	-----T-----T-----TEHH-M-L-----L-----TE-T-----PL-----APY			
GB116	4c	241	-----I-----DHH-----L-----L-----V-Q-----L-----L-----APY			
GB215	4c	259	-----I-----DHH-----L-----L-----V-Q-----LS-----L-----APY			
GB358	4c	260	-----I-----TEHH-----L-----L-----V-Q-----L-----L-----APY			
DK13	4d	236	-----I-----TDYH-----L-----L-----K-T-----SL-----AQH			
CAM600	4e	237	-----I-----A-----TENH-----L-----L-----T-Q-----L-----SPY			
GB809-2	4e	238	-----I-----A-----TDNH-----L-----L-----KT-Q-----L-----SPY			
CAMG22	4f	261	-----L-----F-----VHH-----L-----L-----T-Q-----L-----L-----APY			
CAMG27	4f	262	-----I-----F-----EHH-----L-----L-----T-Q-----I-L-----L-APH			
GB549	4g	243	-----I-----DHH-M-L-----L-----L-----T-T-----PL-----APY			
GB438	4h	244	-----Y-----DHH-M-L-----L-----L-----T-V-----IPL-----VPI			
BNL7	4k	30	-----Y-----DHH-----L-----L-----Q-----L-----L-----APY			
BNL8	4k	32	-----Y-----DHH-----L-----L-----T-Q-----L-----L-----APY			
BNL9	4k	34	-----I-----DHH-----L-----L-----V-Q-S-----L-----I-APY			
BNL10	4k	36	-----I-----DHH-----L-----L-----V-Q-----L-----L-----APY			
BNL11	4k	38	-----F-DHH-----L-----L-----K-H-----L-----L-----APY			

50/74

Fig. 4G

BNL12	41	40	-----SDHH-----L-----KT--T-----L-----API
GB724	4x	246	--I-----V-----TDHH--L-----T--V-----TPV-----AVS
BE95	5a	239	-----DNL--A-----MT--V-----QI--LSAPS
BE100	5a	263	-----D-L--A-----KD-V-----QI--LSAPS
HK2	6a	240	--L-----L--DAM--L--L--VDDR-T--H-V--L-IPN
VN4	7c	44	--L-----ETL--L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN
VN12	7d	48	--L-----NGM--L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN
FR1	9a	42	--L-----S-N--F--ETM--L-----IKA--E-----LPVS--L-VPN
NE98	10a	52	-M-----S-G-----G-I--L-----S--T-----IPVSX---VKS

Fig. 4H

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	229
HCV-J	1b	230
BNL1	1d	4
BNL2	1d	8
FR2	1f	12
HC-HC	2a	231
J6	2b	232
HC-J8	2c	233
CH610	2c	234
S83	2c	254
NE92	2d	234
BNL3	2e	16
FR4	2f	18
BNL4	2g	20
BNL5	2h	24
BNL6	2i	26
FR13	2k	76
BR36	3a	255
HCV-TR	3b	235
Z4	4a	256
GB809-4	4a	257
Z1	4b	258
GB116	4c	241
GB215	4c	259
GB358	4c	260
DK13	4d	236
CAM600	4e	237
GB809-2	4e	238
CAMG22	4f	261
CAMG27	4f	262
GB549	4g	243
GBA38	4h	244
BNL7	4k	30
BNL8	4k	32
BNL9	4k	34
BNL10	4k	36
BNL11	4k	38

52/74

Fig. 4I

BNL12	41	40	LSA-LMSV	--V--M--A--S--	GA	---	M--Q----
GB724	4x	246	VDA-LESF	--V--M--A--V--	GA	---	M--Q----
BE95	5a	239	LGAVTAP	--AV-Y-A-G-A--	A-AL	---	M--YR--Q-A-
BE100	5a	263	FGAVTAP	--AV-Y--G-A--	A-AL	---	M--YR--Q-A-
HK2	6a	240	AST---	GF--V--A-A-VV--S-I--	L-A	---	Q----
VN4	7c	44	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF--M--	GL	---	LR--M-QV	
VN12	7d	48	ASVSIRGV-E-V--A-AF--M--	GL	---	R--MYEI	
FR1	9a	42	SSV-IHGF--V--A-AF--M-I--	II	---	R-KY-QV	
NE98	10a	52	PCAATAS--T-V-MM-XA--	AL-X-G-SWRH-Q--			

53/74

Fig. 4J

Isolate	Type	SEQ ID	V5	319
HCV-1	1a	229	30A	TQGCNCSIYPGHITGRMA
HCV-J	1b	230		V-D-----VS-----
BNL1	1d	4		--E-----
BNL2	1d	8		--E-----
FR2	1f	12		V-D-----S-----XXX
HC-J6	2a	231		V-D-----T-----
HC-J8	2b	232		--E-----Q-----
CH610	2c	233		V-E-----X-----
S83	2c	254		V-E-----R-----
NE92	2d	234		V-D-----
BNL3	2e	16		V-E-----
FR4	2f	18		V-E-----X-----
BNL4	2g	20		S-D-----
BNL5	2h	24		V-D-----
FR13	2k	76		V-D-----P-X
BR36	3a	255		V-T-----L-----VS-----
HCV-TR	3b	235		V-T-----T-----
Z4	4a	256		--E-----T-----
GB809-4	4a	257		--D-----T-----VS-----
Z1	4b	258		--D-----A-V-----
GB116	4c	241		--D-----A-----G-----
GB215	4c	259		--D-----A-----V-----
GB358	4c	260		--D-----T-----
DK13	4d	236		--D-----T-----
CAM600	4e	237		--D-----A-----
GB809	4e	238		--E-----T-----
CAMG22	4f	261		--E-----D-----
CAMG27	4f	262		--D-----V-----
GB549	4g	243		--D-----
GB438	4h	244		--D-----
BNL7	4k	30		--D-----
BNL8	4k	32		A-D-----
BNL9	4k	34		--D-----
BNL10	4k	36		--D-----
BNL11	4k	38		--E-----
BNL12	4l	40		V-D-----

54/74

Fig. 4K

GB724	4x	246	--D-----T-----
BE95	5a	239	V-N-----S-V-----
BE100	5a	263	V-D-----S-V-----Q--
HK2	6a	240	V-D-----T-V-----
VN4	7c	44	V-E-----T-----
VN12	7d	48	A-D-----A-----
FR1	9a	42	--D-----XNX--V-----
NE98	10a	52	V-D-----

55/74

Fig. 5A NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a	264	CTCCACAGTCACTGAGAGCGACATCCGTACGGAGGAGGCAATCTACCAAT	
HCV-J	1b	265	--A--G-----AT-----T-----AT-----T-----	
BE90	1b	266	N--A-----C-----A-----GTT-----T-----T-----	
BNL1	1d	53	--G-----T-----AT-----GTC-----AT-----A-----	
BNL2	1d	55	--G-----T-----A-----C-----RAT-----T-----	
FR17	1d	57	--G-----T-----A-----T-----GTC-----AT-----G-----	
CAM1078	1e	61	--A--G-----AGCT--T--A--A--A--T--C--A--	
FR2	1f	63	N--A-----T--T-----A-----T--C-----	
FR16	1g	67	NNNNNN--T--T-----GTC-----RT-----T-----	
HC-J6	2a	267	--A--C-----A-----A--G--T-----T--C--A--T--GGG	
HC-J8	2b	268	--A--C-----G-----AA--A--A--A--AT--C--A--T--GG	
BNL3	2e	69	--G-----A-----A--T--AA--N--T-----T--C--A--GG	
FR4	2f	71	--A--C-----A-----G--T--AA--A--T-----T--C--A--TGG	
BNL5	2h	73	--A-----G--G-----A-----A--G--C-----T--C--T--TTG	
FR13	2k	77	A-----A-----A--A-----A--AGTT--A--T--CG--T--T--TG-	
FR18	2l	79	--A-----G-----G-----A--G--AT-----T--C--A--T--TGG	
T1	3a	269	--A--T-----ACAG-----A--GGT--A-----AG--A-----	
T9	3b	270	--T--T-----ACAT-----A--G-----AG--A-----	
PAK64	3g	81	--T--T-----ACAG--T--A--GGTA--A--A--A--A-----	

56/74

Fig. 5B

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
GB48	4c	271	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-----T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB116	4c	272	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB215	4c	273	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB358	4c	274	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB809	4e	275	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB549	4g	276	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
BNL8	4k	83	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
BNL12	4l	85	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
EG81	4m	87	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
CHR18	5a	277	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN13	7a	89	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN4	7c	91	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN12	7d	93	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR1	9a	95	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
NE98	10a	97	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR14	11a	99	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR15	11a	101	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR19	11a	105	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-

Fig. 5C

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
HCV-1	1a	264	GTTGTGACCTCGACCCCAAGCCCGGTGGCCATCAAGTCCCTCACCGAG	
HCV-J	1b	265	---T-G-C---G---A-GCA---A-G---G---A---	
BE90	1b	266	---T-G-C---G-G---A-ACA---A---G---A---	
BNL1	1d	53	---T-G-C---G-G---T---AA---A---G---G---	
BNL2	1d	55	---T-G-C---Y-G-G---AA---A---G---G---	
FR17	1d	57	---T-G-C---G-G---AA---A---G---G---	
CAM1078	1e	61	---GC---G---A---T---A---TT-G-T-A---	
FR2	1f	63	---T---A---G-G-T---AA---A-G---A---	
FR16	19	67	---G---G---G-G-T---A---A---G---T---	
HC-J6	2a	267	---TC-T-GCC-GAGG-G---A-ACT---AC-C-A-G-T---	
HC-J8	2b	268	---TCT---GCCT-AAG---A-AACT-T---AC-C-G-T---	
BNL3	2e	69	---TC-T-ACC-GAG-G---A-AACT---AC-C-AT-G-T---	
FR4	2f	71	CC-CTC-T-ACC-GAG-G---GACT---AC-T-AT-A-T---	
BNL5	2h	73	CC-CTC-T-ACC-GAG---AACT---AC-T-AT-G-T---	
FR13	2k	77	CC-TCA-TCC-GAGG-G---A-CT---AC-C-A-A-T---	
FR18	2l	79	CC-CTCGT-GCC-GAGG-G---GACT-T---AC-T-G-T---	
T1	3a	269	---C-A---T-A---GG-G---A-GAGA-TG---TCC---G---	
T9	3b	270	---C---T---G---AG-G-T---GAA---G---CGG-T---A---	
PAK64	3g	81	---T---T-G---GG-G-TA-ACG---A---A-G---G-A---	

58/74

Fig. 5D

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4c	271	-----G-G-G-G-G-----AA--A--T-CCG--A-A--	-----G-G-G-G-G-----AA--A--T-CCG--A-A--
GB116	4c	272	-----G-G-G-G-G-----AGA--A--T-CCG--A-A--	-----G-G-G-G-G-----AGA--A--T-CCG--A-A--
GB215	4c	273	-----G-G-G-G-G-----AA--TA--T-CCG--A-A--	-----G-G-G-G-G-----AA--TA--T-CCG--A-A--
GB358	4c	274	-----G-G-G-G-G-----AA--A--T-CTG--A-A--	-----G-G-G-G-G-----AA--A--T-CTG--A-A--
GB809	4e	275	-----T-G-G-G-G-G-----AA--TA--AGCCG--G--	-----T-G-G-G-G-G-----AA--TA--AGCCG--G--
GB549	4g	276	-----C-C-G-G-G-G-----AA--TG--ATCCG--A-G--A	-----C-C-G-G-G-G-----AA--TG--ATCCG--A-G--A
BNL8	4k	83	-----G-G-G-G-G-----T--AA--TT--T-CCG--A-A--A	-----G-G-G-G-G-----T--AA--TT--T-CCG--A-A--A
BNL12	4l	85	-----G-R-G-G-G-----AAA--A--ATCCG--G--	-----G-R-G-G-G-----AAA--A--ATCCG--G--
EG81	4m	87	-----T-G-G-G-G-G-----AA--A--ATCCG--G--	-----T-G-G-G-G-G-----AA--A--ATCCG--G--
CHR18	5a	277	CA-TGT--T-GC-G-TG-G-G-G-T-----A-ACG--A--C-A	CA-TGT--T-GC-G-TG-G-G-G-T-----A-ACG--A--C-A
VN13	7a	89	-C--A-GT-G-G--CC--A--GACA-----CA-G-T-T-C	-C--A-GT-G-G--CC--A--GACA-----CA-G-T-T-C
VN4	7c	91	-C-CC-A-T-----GGTG--A--AA--T--T-CA-T-G-T--	-C-CC-A-T-----GGTG--A--AA--T--T-CA-T-G-T--
VN12	7d	93	-C-CC-AT-A-T--GGT--A--GAAA-----T-CA-T-T-T--	-C-CC-AT-A-T--GGT--A--GAAA-----T-CA-T-T-T--
FR1	9a	95	CC-CC-G-----AG-G-----GAAA-----T-----T--	CC-CC-G-----AG-G-----GAAA-----T-----T--
NE98	10a	97	CC-----A-GGA-G-G--TA-GAG-TG--A-CT--A-----G--	CC-----A-GGA-G-G--TA-GAG-TG--A-CT--A-----G--
FR14	11a	99	C---C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA-----T-A-G-G-A--	C---C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA-----T-A-G-G-A--
FR15	11a	101	C---C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T-A-A-G-A--	C---C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T-A-A-G-A--
FR19	11a	103	C---C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A-A-G-A--	C---C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A-A-G-A--

59/74

Fig. 5E

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
HCV-1	1a	264	AGGCTTTATGTTGGGGCCCTCTTACCAATTCAAGGGGGGAGAACTGCGG	
HCV-J	1b	265	C-----C-----T-C-G-T-----G-A-----C-----	
BE90	1b	266	C-----A-C-----T-C-G-T-----A-----C-----T-----	
BNL1	1d	53	C---G-CA-C-----Y-A-----AA-AC-----	
BNL2	1d	55	C---G-C-C-----C-A-----A-----C-----	
FR17	1d	57	C---G-A-C-----T-C-A-----C---AA-C-----	
CAM1078	1e	61	---G-C-C-----G-CT-G-----AA-----	
FR2	1f	63	---A-C-----T-C-G-A-C---AA-C-----	
FR16	1g	67	C---A-----C-----C-----C---AA-AC-----	
HC-J6	2a	267	---A-----C-G-A-G-CA-GTT---CAGC-A---CC---C-----	
HC-J8	2b	268	---A-----C-A-A-G-CA-G-A---CAGC-AA---C-ATC-----	
BNL3	2e	69	---A-C-C-A-A-G-CA-G-TG---CAGC-AA---C-ATC-----	
FR4	2f	71	---A-----C-G-A-G-CA-G-TG---CAGC-AA---C-TC-----	
BNL5	2h	73	---A-----C-A-A-G-CA-G-TG---CAGC-A---AC-TC-----	
FR13	2k	77	---G-C-G-A-T-CA-GCAG---CAGC-A---C-ATC-----	
FR18	2l	79	---A-C-CA-A-C-G-GA-G-TG---CAGC-AA---CC-TC---T-----	
T1	3a	269	C-----CTGC-----A-GTT---CAGC-A---CCC-A-T-----	
T9	3b	270	C---G-CA-C-A-T-CA-GTA---CAGT-A---CTCC-G-----	
PAK64	3g	81	C-----C-----A-T-CA-GTT---CAGC-A---CTC-A-----	

60/74

Fig. 5F

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
GB48	4c	271	--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--CAGC-A--A-CCTG----	
GB116	4c	272	--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--CAGC-A--A-CCTG----	
GB215	4c	273	--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--AGC-AA-A-CCTG----	
GB358	4c	274	--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--CAGC-A--A-CCTG-T--	
GB809	4e	275	--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--CAGC-A--A-CCTT----	
GB549	4g	276	--A-C-C-G-C-T--CA-GTA--C-C-A--CCTA----	
BNL8	4k	83	--A-C-C-G-C-T--CA-GCA--CAGC-A--A-CCTT-T--	
BNL12	4l	85	--R-C-CT-G-C-T--CA-GTAT--CAGC-AA--CT-----	
EG81	4m	87	--A-C-C-G-C-T--CA-GTTT--CAGC-A--A-CCTA-T--	
CHR18	5a	277	C-C-G-CTG-A--CA-GTAT--CAGC-A--C-AC-A-T--	
VNI3	7a	89	C-AT-G-CTNC-T-T-CA-GTNT-C-T-AA-TC-GCA-T--	
VN4	7c	91	C---G-CTGC-W-G-CA-G-TG-C-CC-T-TC-ATCA-T--	
VNI2	7d	93	C---G-CTGC-C---CA-GTA--C-TC-A-TC-TCA-T--	
FR1	9a	95	---C---C---A-GTA--C---A--CC-ACT--T--	
NE98	10a	97	C---CTG---T-T--A-GTT--CAGC-A--AC-AC-----	
FR14	11a	99	--A-A-C-G-C---GA-GGAA--CAGC-A--CC-GCT----	
FR15	11a	101	--A-A-C-G-C---GA-GGAA--CAGC-AA-CC-GC----	
FR19	11a	105	--A-A-C-G-C---GA-GGAA--CAGC-A--CC-GC----	

61/74

Fig. 5G

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
HCV-1	1a	264	CTATCGAGGTCCCGCGCGGCGTACTGACAACTAGCTGTGGTAACA	
HCV-J	1b	265	T-----C-----A--T-----G-----G-----C--C-----	
BE90	1b	266	-----C-A-----A-----G-----G-----C-----C-----T-	
BNL1	1d	53	-----C-TC-----C-----G-----T-----C-----C-----	
BNL2	1d	55	-----TC-----T-----G-----C-----C-----C-----	
FR17	1d	57	-----C-TC-----C-----G-----T-----C-----C-----T-	
CAM1078	1e	61	-----A-----T--C-----CT-----C-----C-----C-----	
FR2	1f	63	-----C--C-A-----T--A-----C-----G-----C-----C-----	
FR16	1g	67	-----C-----T-----T-----T--G-----T-----C-----	
HC-J6	2a	267	G--CA-GC-T-----C-----G--G--T--C-----ATG--G-----	
HC-J8	2b	268	-----CA-GC-T-----A-----T--TT-C--C--C--ATG--G--T-	
BNL3	2e	69	A--CA-GCAT-----C-----A--G--C--C--C--TATG--G--T-	
FR4	2f	71	A--CA-GC-T-----T-----A--G--C--C--C--TATG--G-----	
BNL5	2h	73	T--CA-AC-T-----C-----A--G--C--C--C--ATG--G--T-	
FR13	2k	77	A--CA-GC-C-----C-----G--G--C--C-----ATG--G--T-	
FR18	2l	79	A--CA-GC-T--T-----C-----G--GT-C--C-----ATG--C--T-	
T1	3a	269	T-----C-----T--C--T--A--C--C--T--C-----TC--C-----	
T9	3b	270	-----C-C-----C-----CT--C--T--C-----TC--C--T-	
PAK64	3g	81	A-----C-T-----T--T-----T--T--C--C-----AC-----T-	

62/74

Fig. 5H

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4c	271	G-----A-T-----A-----CTAC-C-C-----TC-G---	
GB116	4c	272	G-----A-----T-----CTAC-C-C-----TC-G---	
GB215	4c	273	G-----A-----A-----CTAC-C-C-----TC-G---	
GB358	4c	274	G-----A-----A-----CTAC-C-C-----TC-G---	
GB809	4e	275	G-----T-A-----A-----TAC-C-C-----TC-G---	
GB549	4g	276	GC-A-G-----A-----G-CTAC-C-C-----TC-G---	
BNL8	4k	83	G-----G-A-----A-----CTAC-C-C-----TC-A---	
BNL12	4l	85	G-----G-----A-----GTAC-C-A-T-TC-G---	
EG81	4m	87	-----C-----A-----CTAC-C-C-----TC-A---	
CHR18	5a	277	T-----T-A-----C-----CT-C-----TATG-C---	
VN13	7a	89	A-C-T-----A-G-C-T-----C-C-T-CTG-CC-T-	
VN4	7c	91	A-C-T-----A-C-T-----G-C-C-G-----TG-C-T-	
VN12	7d	93	G-C-----G-T-T-T-CT-C-C-A-----TG-C---	
FR1	9a	95	TC-A--C-A-----A-A-----A-----CC-C-A-----ATG-----	
NE98	10a	97	T-C--C-C-----T-T-T-G-G-AC-C-C-----TC-G---	
FR14	11a	99	A--A-GC-T-----A-----G-T-C-C-A-----TG-G---	
FR15	11a	101	A--A-GC-T-----A-----G-T-C-C-A-----TG-G---	
FR19	11a	105	A-CA-GC-T-----A-----G-T-C-C-A-----TG-G---	

63/74

Fig. 5I

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
HCV-1	1a	264	CCCTCACTTGCTACATCAAGCCCGGGCAGCCTGTCGAGCCGAGGGCTC	
HCV-J	1b	265	-----A-T-T-G-----ACT-G-----T-AA--	
BE90	1b	266	---T-A-T---C-A-----TCT-----T-GAA---	
BNL1	1d	53	---G-A-----T-G-A--A-A-G-----T-AA---	
BNL2	1d	55	---A-----T-G-A--A--G-----T-AA---	
FR17	1d	57	---A-T---T-G-A--A--G-----T-GAA---	
CAM1078	1e	61	---C---T-----TA-----A---T-CAA---	
FR2	1f	63	---C-T---A-----A-----T-GAA---	
FR16	1g	67	---A---C-G-A--GCC-G-----T-AA---	
HC-J6	2a	267	---A---A---TG-G-A--TTA-G-----AAG-T---A-A	
HC-J8	2b	268	---A-G-A-T-----A---TT---G---AAG-T---A--	
BNL3	2e	69	---A---G-----TA-G-T---AA--A---AA-A	
FR4	2f	71	---A---G-T-TG-G-A--TC---T---AA--T-G-CA-T	
BNL5	2h	73	---A---A---TG-G-----ATTA-T---CAA-T---CA--	
FR13	2k	77	---T---A---TG-G-A--AT---T-CA---G-CA-T	
FR18	2l	79	---A---G---TG-G-A--AT---T-CA---T-C-A-T	
T1	3a	269	---A---T-----ACA-G-TGGAAG-----C---	
T9	3b	270	---AA-A-C-T-----ACT-----A-CA-G-T-G-T---	
PAK64	3g	81	---AA---C-----A-A-G-TGC-----T-G-C-T	

64/74

Fig. 5J

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	271	8132
GB116	4c	272	-A-G-G-C-A-TCA-C-TATCAA-G-G-8181
GB215	4c	273	-A-G-G-TCA-C-TATCA-G-G-8181
GB358	4c	274	-A-G-G-TCA-C-TATCA-G-G-8181
GB809	4e	275	-AA-G-G-TCA-TATCA-G-T-G-8181
GB549	4g	276	-TG-A-G-TTC-GTT-G-TAC-A-G-T-G-8181
BNL8	4k	83	-A-G-G-TCA-T-TAT-A-G-T-G-8181
BNL12	4l	85	-AG-G-C-TTC-TACC-G-T-C-A-8181
EG81	4m	87	-A-G-C-AC-C-TACCA-G-C-C-G-8181
CHR18	5a	277	-A-G-G-TTTA-CT-AA-8181
VN13	7a	89	-T-G-A-T-A-G-A-CA-T-C-8181
VN4	7c	91	-A-A-TT-G-A-AA-G-A-G-AA-8181
VN12	7d	93	-A-G-A-C-G-T-A-G-T-A-G-A-RAA-8181
FR1	9a	95	-A-A-T-C-G-AACC-C-T-C-A-C-CT-T-8181
NE98	10a	97	-AA-C-T-A-AA-TACCAA-T-C-AA-T-8181
FR14	11a	99	-A-G-T-T-TAAA-G-T-AA-T-CA-T-8181
FR15	11a	101	-A-G-T-T-AAR-T-AA-Y-T-CA-T-8181
FR19	11a	105	-A-G-T-T-AA-G-T-AA-T-CA-T-8181

65/74

Fig. 5K

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	264	8182
HCV-J	1b	265	8231
BE90	1b	266	
BNL1	1d	53	
BNL2	1d	55	
FR17	1d	57	
CAM1078	1e	61	
FR2	1f	63	
FR16	1g	67	
HC-J6	2a	267	
HC-J8	2b	268	
BNL3	2e	69	
FR4	2f	71	
BNL5	2h	73	
FR13	2k	77	
FR18	2l	79	
T1	3a	269	
T9	3b	270	
PAK64	3g	81	

66/74

Fig. 5L

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
GB48	4c	271	AGA-----T-G-C-----T-T--C-G-T-C--GC--	
GB116	4c	272	AGA-----T-G-C-----T-T--C-G--C--TGC--	
GB215	4c	273	AGA-----T--G-C-A--T--T--C-G--C--TGCC--	
GB358	4c	274	AGA-----T-G-C-----T-T--C-G--C--GC--	
GB809	4e	275	A---T-----G-T-C-T--C--G--G--GCC--	
GB549	4g	276	A-A-GT-----G-T--A-----C-----C--	
BNL8	4k	83	AGA-----G-T-C-T-----G--C--GC--	
BNL12	4l	85	A-A-----G-C-C-T-----G--C--GCC--	
EG81	4m	87	A---T-----A--G-T-C-G--C-G--C--GCA--	
CHR18	5a	277	-----GC-C-G-----T-T-TC-T-G-CC-T-C--	
VN13	7a	89	A---TTGA--T-G-C-C-A--C-T--T-CG--	
VN4	7c	91	A-AA--ATGA--T-A-C-C-A--TC-----GCG--	
VN12	7d	93	A-AA--TTGA--T-G-C-C-A--C-----TGC--	
FR1	9a	95	ACA--T-ATGA--T-G-C-C-A--T--G-T-CG-AAC--	
NE98	10a	97	A-AA-TCCAT-AT-C-T-C-C-A-T--G--G-TGC--	
FR14	11a	99	GTA--CCGGTG-----C-T--C--G-C--CA--	
FR15	11a	101	GTT--CCGGTG-----C-----C--G-C--CA--	
FR19	11a	105	GTT--CCAGTG-----C-----C--G-C--CA--	

67/74

Fig. 5M

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	264	8232
HCV-J	1b	265	AAGCGGGGGTCCAGGAGGACGGCGGAGCCTGAGAGCC
BE90	1b	266	G--T--AAC--T--GC--AC--
BNL1	1d	53	---AAC--A--AC--T--
BNL2	1d	55	G--T--A--G--A--A--AC--T--
FR17	1d	57	G--T--R--A--G--A--AC--T--
CAM1078	1e	61	G--T--TA--AC--T--C--
FR2	1f	63	G--T--A--N--TC--T--
FR16	1g	67	G--T--T--T--A--
HC-J6	2a	267	G--CA--AC--G--A--CG--A--
HC-J8	2b	268	G--CAA--TAA--G--A--CGA--A--T
BNL3	2e	69	G--TCA--A--G--ACCG--A--
FR4	2f	71	G--TCA--CTG--A--CGA--A--T
BNL5	2h	73	G--TCA--AAC--G--T--A--CG--A--T
FR13	2k	77	G--TCA--ACTG--AG--A--AAC--A--C--T
FR18	2l	79	G--TCA--AC--G--A--CGA--AT--T
T1	3a	269	G--AT--C--G--T--TAGA--AGC--
T9	3b	270	---TGC--C--G--AGA--AGCT--C--
PAK64	3g	81	G--TTGC--KC--TG--T--G--ATAG--GCAGC

8271

68/74

Fig. 5N

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c	271	G---AT--C--AG-----AAACGACC---CG----	
GB116	4c	272	---AT--C--AG-----AAACGAGC---CG----	
GB215	4c	273	G---AT--C--AG-----AAACGAGC---CG---T-	
GB358	4c	274	G---AT--C--TG-----AAACGAGC---CG----	
GB809	4e	275	G---GT--C--TG-----AAACGANC---CG---T-	
GB549	4g	276	G---GC--C--AG-----T--AAGAGC---CC----	
BNL8	4k	83	G---AT--C--AG-----TAACCGAGC---CCN----	
BNL12	4l	85	G---A--C--AG-----TT--CCAACC---CC----	
EG81	4m	87	G---AT--C--GG--C-----CGCCGAGC---CCA---T	
CHR18	5a	277	G---CA---ACG--C-----TAAA-----	
VN13	7a	89	G---TTT-----TC-----A--TAGTGCA---C---T	
VN4	7c	91	G---T-GA--A---TCT-----T--TT-ACGC---C---A	
VN12	7d	93	G---GA--A---CT-----T--C-G-GC---C---T-	
FR1	9a	95	G---T--T--A---A-C-----TATC--T-A---C----	
NE98	10a	97	G---T--A---A--G-T-----AA-AGCGC-T-----T	
FR14	11a	99	---AA-----GG-----CA-CG-GA--AC---T-	
FR15	11a	101	G---AA-----AG-----CA-CGAGA---AC	
FR19	11a	105	---AA-----GG-----CAACGAGA---AC--NT-	

69/74

Fig. 6A NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	2645	2694
HCV-1	1a	278	STVTESDIRTEEA	IYQCCLDPQARVAIKSLTERLYVGGPLNSRG
HCV-J	1b	279	-----N-----	-----S-----A-E-Q-R-----K-Q-----
2TY4	1c	280	-----N-----	-----V-S-----A-E-K-----I-X-----K-Q-----
BNL1	1d	54	-----N-----	-----XS-----AXE-K-----I-----K-Q-----
BNL2	1d	56	-----N-----	-----V-S-----A-E-K-----I-----K-Q-----
FR17	1d	58	-----A-----	-----S-----H-E-----I-----K-Q-----
CAMI078	1e	62	-----S-----	-----S-----E-K-R-----I-----K-Q-----
FR2	1f	64	-----V-XS-----	-----A-E-----I-----K-Q-----
FR16	1g	68	-----R-----	-----S-RA-S-PEE-HT-H-----MF-K-QT-----
HC-J6	2a	281	-----R-----	-----S-A-S-PQE-TV-H-----M-K-QS-----
HC-J8	2b	282	-----R-----	-----S-S-PEE-T-H-----M-K-QS-----
ARG8	2c	283	-----R-----	-----S-LA-S-PE-T-H-----ML-K-QT-----
NE92	2d	284	-----R-X-----	-----S-A-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
BNL3	2e	70	-----R-----	-----S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR4	2f	72	-----A-R-----	-----S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
BNL5	2h	74	-----R-----	-----V-SV-LS-S-PEE-A-H-----MQ-K-QS-----
FR13	2k	78	-----R-----	-----N-S-FLA-S-PEE-TV-H-----I-MM-K-QS-----
FR18	2l	80	-----C-----	-----C-----MF-K-AQ-----
BR34	3a	285	-----C-----	-----C-----MF-K-AQ-----
BR36	3a	286	-----H-----	-----E-E-K-SA-----I-MY-K-LQ-----
BR33	3a	287	-----Q-----	-----V-E-----E-E-R-----MF-K-LK-----
T9	3b	288		
PAK64	3g	82		

70/74

Fig. 6B

GB48	4c	289	----	K--V--EV--	E-E-K-TA--	----	MH-K-DL--
GB116	4c	290	----	K--V--EV--	E-E-R-TA--	----	MH--DL--
GB215	4c	291	----	K--V--EV--	E-E-KV-TA--	----	MH-K-DL--
GB358	4c	292	----	K--V--EV--	E-E-K-TA--	----	MH-K-DL--
GB809	4e	293	----	K--KV--EV--	E-E-KV-AA--	----	MH-K-DL--
CAMG22	4f	294	----	R--V--EV--	E-ET-KV-SA--	----	MH--DL--
GB549	4g	295	----	R--V--EV--	E-E-KV-SA--	----	MY-K-DL--
GB438	4h	296	----	R--V--EV--	E-E-KV-SA--	K--	MY-K-DL--
CAR4/120541	4i	297	P----	R-X-V--EV--	N-EXDX-KV-NA--	----	MH-K-DL--
CAR1/501	4j	298	----	X-R--GEV--	E-E-KV-TA--	----	MF-K-DL--
EG13	4?	299	----	V--N-E-E-K-TA--	----	----	MH-K-DL--
BNL8	4k	84	----	K--P--EV--	E-E-KV-TA--	X-L--	MY-K-L--
BNL12	4l	86	----	K--V--EV--	E-E-K-SA--	----	MF-K-DL--
EG81	4m	88	----	R--V--EV--	E-E-K-SA--	Q--	MY-K-QQ--
BE95	5a	300	----	H-M--S--S--	Q-E-A-R--	C--	MY-K-QQ--
CHR18	5a	301	----	H-M--S--S--	SLY-Q-E--	R-Q--	MY-K-QQ--
VN13	7a	90	----	R-VQ--HD--	K-E-A-T-T--	D--X--	MX-K-QA--
VN4	7c	92	----	R-X--HD--	Q--V-K-T--	CX--	MM--QS--
VN12	7d	94	S----	R--HD--	Q--V-K-T--	C--	MY--QS--
FR1	9a	96	----	GR--XD--LS-Q--	E-K--	----	MY-K-QL--
NE98	10a	98	----	Q--V--LS-F-A--	KDE-RV-T--	C--	MF-K-QH--
FR14	11a	100	----	R--S--LS-Q-PEE-K--	----	----	ME-K-QA--
FR15	11a	102	----	R--S--XXA-Q-PEE-K--	----	----	ME-K-QA--
FR19	11a	106	----	R--S--XXA-Q-PEE-K--	----	----	ME-K-QA--

71/74

Fig. 6C

Isolate	Type	SEQ ID	2695	2744
HCV-1	1a	278	YRRCRASGVLTTSCGNTLTCTYIKARAACRAAGLQDCTMLVCGDDL	VVICE
HCV-J	1b	279	-----L-T-----K-----N-----	-----
2TY4	1c	280	-----L-----R-----	-----
BNL1	1d	54	-----L-----K-R-----	-----
BNL2	1d	56	-----L-----K-----	-----
FR17	1d	58	-----L-----K-----	-----
CAM1078	1e	62	-----L-----K-----	-----
FR2	1f	64	-----L-----K-----S-----	-----
FR16	1g	68	-----L-A-----K-RE-----	-----
HC-J6	2a	281	-----M-I-V-L-K-IIAP-----	S-----
HC-J8	2b	282	-----F-M-M-----L-K-IV-PV-----	S-----
ARG8	2c	283	-----A-----M-----V-----N-----IVAP-----	S-----
NE92	2d	284	-----F-M-I-V-Q-K-IIAP-----	S-----
BNL3	2e	70	-----H-----M-I-----L-K-IVAP-----	S-----
FR4	2f	72	-----M-I-V-L-K-IVAP-----	S-----
BNL5	2h	74	-----M-I-V-L-K-IVAP-----I-S-----	S-----
FR13	2k	78	-----M-----L-Q-----IVAP-----	S-----
FR18	2l	80	-----F-M-I-V-M-----IDAP-----	S-----
BR34	3a	285	-----P-F-I-----T-A-----RNPDF-----	VA-----
BR36	3a	286	-----P-F-I-----T-AK-----RSPDF-----	VA-----
BR33	3a	287	-----P-F-I-----T-AK-----RNPDF-----	VA-----
T9	3b	288	-----P-F-I-----K-S-----K-PSF-----	VS-----
PAK64	3g	82	-----P-Y-I-----A-----PSF-----	VA-----

72/74

Fig. 6D

GB48	4C	289	---Y---F---L---S---IK---R---A---
GB116	4C	290	---Y---F---L---S---I---R---A---
GB215	4C	291	---Y---F---L---S---I---S---R---Y---
GB358	4C	292	---Y---F---L---S---I---R---A---
GB809	4C	293	---Y---F---M---L---S---I---K---A---
CAMG22	4f	294	---Y---F---FL---T---TK---K---A---
GB549	4g	295	Q---Y---F---V---L---V---T---KG-S---
GB438	4h	296	L---Y---F---V---L---T---T---K---A---
CAR4/12054i	4i	297	I---Y---F---L---T---T---K---A---
CAR1/501 4j	4j	298	Q---F---F---L---T---T---K---S---
EG13	4?	299	---F---F---L---T---I---R---
BNL8	4k	84	---Y---F---L---S---I---R---A---
BNL12	4l	86	---Y---F---V---L---T---T---K---A---
EG81	4m	88	---Y---F---L---T---T---K---A---
BE95	5a	300	---F---M---M---L---S---R-R---L---A---
CHR18	5a	301	---F---M---M---L---S---K---L---A---
VN13	7a	90	---ILA---L---Q---K-FD---
VN4	7c	92	---L---L---Q---K-KNYD---
VN12	7d	94	---F---L---M---L---Q---XK-KNFD---
FR1	9a	96	Q---P-M---I-FL-T---FT-YD---VT---
NE98	10a	98	---P-F---I---K-TK---IKPSF---
FR14	11a	100	---F-L---M---K-K---IV-PV---S---
FR15	11a	102	---F-L---M---X-KX---IV-PV---S---
FR19	11a	106	---F-L---M---K-K---IV-PV---S---

73/74

Fig. 6E

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
HCV-1	1a	278	SAGVQEDAAASLRA	
HCV-J	1b	279	---T-----A---	
BE90	1b	302	---T-----V	
BNL1	1d	54	---E---N---	
BNL2	1d	56	---E---N--V	
FR17	1d	58	-X-E---N--V	
CAM1078	1e	62	-V-T-----	
FR2	1f	64	IE-XX-PS	
FR16	1g	68	-----	
HC-J6	2a	281	-Q-TE-ERN---	
HC-J8	2b	282	-Q-NE-ERN---	
NE92	2d	284	-Q-TE-ERN---	
BNL3	2e	70	-Q-E-DRN-	
FR4	2f	72	-Q-AE-ERN--V	
BNL5	2h	74	-Q-TE-ERN--V	
FR13	2k	78	-Q-TER-ENN--P	
FR18	2l	80	-Q-TE-ERN--V	
BR34	3a	285	-	
BR36	3a	286	-	
BR33	3a	287	-	
T9	3b	288	-C--E--R-A---	
PAK64	3g	82	-CX-D-EDRAALR	

74/74

Fig. 6F

GB48	4C	289	-D--E--KRP-G-
GB116	4C	290	-D--E--KRA-G-
GB215	4C	291	-D--E--KRA-GV
GB358	4C	292	-D--E--KRA-G-
GB809	4e	293	-G--E--KRX-G-
CAMG22	4f	294	-D--E--RRA-G-
GB549	4g	295	-G--E--RA--
GB438	4h	296	-G--E--RA--
CAR4/12054i	297	-I-ID--KQA--T	
CAR1/501 4j	298	---E--PXTX-P	
BNL8	4k	84	-D--E--NRA-X-
BNL12	4l	86	-E--E--SQP--
EG81	4m	88	-D--D--PRA-Q-
BE95	5a	300	-Q-TH--E--
CHR18	5a	301	-Q-TH--K--
VNI3	7a	90	-L--S--TSA--
VN4	7c	92	-G--S--VDA--
VNI2	7d	94	-G--P--GA--V
FR1	9a	96	---N--I-N--
NE98	10a	98	---ID--KSA--
FR14	11a	100	-K--E--ORD--V
FR15	11a	102	-K--E--ORD-
FR19	11a	106	-K--E--ORD--

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☐ FADED TEXT OR DRAWING
- ☐ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☒ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☒ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☒ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.